



①⑨ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 835 A 1**

②① Aktenzeichen: 198 13 835.0
②② Anmeldetag: 20. 3. 98
④③ Offenlegungstag: 23. 9. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68

B6
DE 198 13 835 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe
⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brustgewe-
be, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und
deren Verwendung geschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 835 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540,

pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCMV7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetische Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein. Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulatorischen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Es wurde ferner gefunden, daß bestimmte Nukleinsäure-Sequenzen auch im Fettstoffwechsel eine Rolle spielen. Die Erfindung betrifft deshalb auch die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.: 3, 37, 45, zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 5 minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 10 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
 15 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

20

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

- 25 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

- Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren).

- 40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

- 45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

- 55 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

60

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol. 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25, 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot be-

zeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt. 5

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39					10
	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332	
Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474	15
Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866	
Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233	
Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	20
Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381	25
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811	
Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236	
Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584	
Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000	30
Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258	
Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793	
Brust-Hyperplasie	0.0291				
Duenn darm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				35
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS					40
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				45
Herz-Blutgefuesse	0.1063				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0419				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.2925				55
Eierstock-Uterus	0.0183				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0379				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0874				
Hoden	0.0234				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0462				
Prostata	0.0321				
Sinnesorgane	0.0542				65

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

- 5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

40		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0068
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes "frizzled-related protein".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N		
Blase	0.0511	0.0026	20.0033	0.0500	10
Brust	0.0533	0.0044	12.2316	0.0818	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	15
Endokrines Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	20
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	25
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356	30
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	35
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	40
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015	
Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000	45
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	50
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000	55
Brust-Hyperplasie	0.1126				
Duenn darm	0.0156				60
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				65
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0615				40
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				45
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0573				50
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				55
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0279				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0340				55
Eierstock-Uterus	0.0205				
Endokrines Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0117				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				70
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				75
Nerven	0.0161				
Prostata	0.0000				80
Sinnesorgane	0.0000				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
10	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

30

FOETUS

%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
35	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0371
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
50	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000 undef	
Gehirn	0.0093	0.0044	2.1288 0.4698	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033	20
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0064	1.1186 0.8939	
Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0205			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0160				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0155				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.1159	0.0393	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0893	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenn darm	0.0530			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0476	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0080	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				40
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				55
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0232				60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
55	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	
Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000	5
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	10
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenn darm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
					30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0079				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0046				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0285				50
Haut-Muskel	0.0291				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0185	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0040	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				40
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0558				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				50
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				55
Prostata	0.0064				
Sinnesorgane	0.0000				60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	20
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0340	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124	
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0544	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0064	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.9185 0.5499	5
Brust	0.0133	0.0022	6.1158 0.1635	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0198			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.0000			60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			

30

FOETUS

		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

45		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142	5
Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635	
Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930	10
Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536	
Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069	
Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968	25
Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886	
Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0254				
Duennndarm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				40
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0197	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0185	
Niere	0.0309	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0816	45
Eierstock-Uterus	0.0160	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0385	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR		Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

FOETUS
%Haeufigkeit

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

29

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
10	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0245			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0211			
55	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0466	0.0131	3.5675 0.2803	
Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372 0.4279	
Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916 1.2633	
Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700 1.7544	
Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127 0.6201	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	
Herz	0.0265	0.0687	0.3854 2.5949	
Hoden	0.0244	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0336	0.0236	1.4221 0.7032	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5749 0.6350	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424 1.5567	
Niere	0.0119	0.0274	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000 1.2501	20
Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0095	0.0170	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0132	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0291			
Duenn darm	0.0187			25
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0277			35
Gehirn	0.0188			
Haematopoetisch	0.0236			
Herz-Blutgefuesse	0.0368			
Lunge	0.0407			
Niere	0.0309			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0279			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0228			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0280			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0648			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0221			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.1393			60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4463	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973	
Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972	10
Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550	3.9208	
Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184	
Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428	2.9168	30
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0128	0.9322	1.0727	
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0145				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0470				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0164	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0249	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0192	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0366	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748	5
Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957	10.4512	10
Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591	1.7887	
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0075	0.0118	0.6321	1.5821	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102	20
Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0238	0.0192	1.2429	0.8046	
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962	5
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0136				
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				55
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	5
Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777	20
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0618				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.1632
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0113			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0183	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0069	
	Eierstock-Uterus	0.0063	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0126	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571	5
Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453	
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213	
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535	
Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316	20
Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622	25
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921	
Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723	30
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840	
Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490	
Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0327				
Duenndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.1058				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	40
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0977	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0408	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0090	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0852	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
30	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefasse	0.0082			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
55	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef	5
Brust	0.0173	0.0044	3.9753 0.2516	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0019	0.0143	0.1357 7.3686	
Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0062	0.0118	0.5267 1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714 14.0102	
Niere	0.0119	0.0068	1.7366 0.5758	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duerndarm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0281	0.1653 6.0490	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922 3.4228	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0245	0.5954 1.6797	
Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0432	0.0142	3.0369 0.3293	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0847	0.0587 17.0262	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1561 0.8650	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0037	0.0165	0.2257 4.4300	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807 2.6269	
Niere	0.0178	0.0068	2.6050 0.3839	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285 0.9723	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0064	1.8644 0.5364	
Uterus	0.0066	0.0214	0.3094 3.2316	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0156			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0615			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0250			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefuesse	0.0164			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0320			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0058			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0389			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0261			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0310			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0186	0.0077	2.4246 0.4124	5
Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161 1.9377	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.1494	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0162	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697	
Uterus	0.0116	0.0142	0.8123 1.2311	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenn darm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.1472			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0408			
Eierstock-Uterus	0.0274			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0234			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
25	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			

30

FOETUS %Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0154
35	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefasse	0.0245
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0279

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0297
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0251
50	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0615
	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0171
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0075	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0386	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0124			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0204			
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0227			50
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			55
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0140			
50	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	10
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	20
Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544	25
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefasse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0198
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0213	0.0044	4.8926	0.2044
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0191	0.4784	2.0902
	Gastrointestinal	0.0019	0.0190	0.1018	9.8248
10	Gehirn	0.0034	0.0066	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0030	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0150	0.1066	0.1404	7.1232
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0182	0.0071	2.5529	0.3917
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0204	
	Lunge	0.0370	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0279	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0087	
50	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180	
Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608 0.6846	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745 0.5972	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545 0.2981	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0122	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141 4.6701	
Niere	0.0178	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714 5.8337	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966 0.3576	
Uterus	0.0050	0.0214	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Biutkoerperchen	0.0540			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0123			35
Gehirn	0.0250			
Haematopoetisch	0.0275			
Herz-Blutgefasse	0.0082			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0558			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0040			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0310			60
				65

DE 198 13.835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0102	3.1823	0.3142
	Brust	0.0573	0.0109	5.2596	0.1901
	Eierstock	0.0334	0.0078	4.2849	0.2334
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0218	1.5907	0.6286
	Gastrointestinal	0.0465	0.0238	1.9542	0.5117
10	Gehirn	0.0263	0.0361	0.7272	1.3752
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.1139	0.0647	1.7598	0.5682
	Herz	0.0424	0.0550	0.7707	1.2974
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0473	0.0236	2.0015	0.4996
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7560	1.3228
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere	0.0654	0.0274	2.3879	0.4188
20	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
35	Gastrointestinal	0.0277	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefasse	0.0082	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0205	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0163	
50	Gastrointestinal	0.0732	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0259	
	Hoden	0.0156	
	Lunge	0.0164	
55	Nerven	0.0191	
	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0542	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0059	0.0011	5.4187	0.1845	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0446	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748	25
Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0208	0.0068	3.0391	0.3290	
Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0254				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0383				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	40
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	55
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	60
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803 0.1222	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647 0.3617	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000 undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0244	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0087	0.0047	1.8435 0.5424	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0031			25
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0111			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0155			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	30
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181	35
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0092	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	40
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0140	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0490	
Foetal	0.0035	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0000	55
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0161	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922 3.4228	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093 0.4977	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031 1.1073	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0083	0.0142	0.5802 1.7235	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0307			
Gastrointestinal	0.0123			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0271			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
10	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
35	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
55	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0697			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399	5
Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559	
Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148	10
Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863	
Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228	
Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208	20
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	25
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820	
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292	30
Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893	
Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181	35
Brust-Hyperplasie	0.0145				
Duenn darm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefasse	0.0082	40
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0249	45
Sinnesorgane	0.0140	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0110	60
Prostata	0.0385	
Sinnesorgane	0.0155	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30

FOETUS %Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

45		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0236			
Herz-Blutgefuesse	0.0082			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			50
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0079			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
45		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0023	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
50	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497	5
Brust	0.0253	0.0044	5.8100 0.1721	
Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869 2.0537	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930 1.1198	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482 0.6459	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478 6.7637	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069	
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0050	0.0118	0.4214 2.3732	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571 17.5127	
Niere	0.0297	0.0205	1.4472 0.6910	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0198	0.0142	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0327			
Duennndarm	0.0125			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0123			35
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0123			
Lunge	0.0259			
Niere	0.0124			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0070			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0141			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0186	0.0026	7.2739 0.1375	5
Brust	0.0666	0.0044	15.2895 0.0654	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954 1.2573	
Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599 0.2660	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0497	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0498	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0125	0.0095	1.3168 0.7594	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039 4.9036	
Niere	0.0178	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0799			
Duenn darm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0313			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefasse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0272			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0120			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Peris	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
25	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35		
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50		
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0040
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096 3.2295	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267 1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0039	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000			25
Duennndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0092			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			50
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0030			55
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0077	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1090			
25	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0615
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0573
	Lunge 0.0037
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0272
	Eierstock-Uterus 0.0183
	Endokrines Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0117
50	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
55	Nerven 0.0161
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

2.2 Fisher-Test

60 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

65 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

5

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

10

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

15

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

20

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäuren-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
1	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner Prä-mRNA splicing Faktor	205	2031	unbkt.
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1081	Chrom. 3, D3S1265-D3S1311
3	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des Perilipin A aus Ratte	247	1318	unbkt.
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	256	731	unbkt.
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	237	2719	Chrom. 15, D15S120-15qter
10	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des fsp-27	310	786	Chrom. 3, D3S1597-D3S1263
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	239	1062	Chrom. 17, D17S787-D17S792
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	241	1471	Chrom. 2, D2S315-D2S2237
13	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes LOT1	214	2738	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
14	im normalen Brust- und Prostatagewebe erhöht	unbekannt	225	1710	unbkt.
15	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	228	3159	unbkt.
16	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner nukleärer Faktor I-B2	249	1708	unbkt.
18	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Dermatopontin	188	1722	unbkt.
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	287	1612	unbkt.
20	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	144	387	unbkt.
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1304	unbkt.
22	im normalen Brustgewebe erhöht	verwandt mit humanem inter-alpha-trypsin Inhibitor H (3)	288	1533	unbkt.
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	204	1304	unbkt.
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	291	2403	unbkt.
25	im normalen Brust- und Ovarialgewebe erhöht	unbekannt	286	2517	Chrom.2, D2S155-D2S2382
26	ca. 9 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgebe	pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors	268	1668	unbkt.
27	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgebe	Collagen IV (Alpha-Kette)	238	1416	Hum. Chrom.13 (D13S1315)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-	Länge der angemel.	Chromos. Lokallsat.
28	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	mäßige Homologie zur Glutamat-bindenden Untereinheit des NMDA-Rezeptors, möglicherweise humanes Gegenstück des Drosophila NMDA-Rezeptors assoziierten Proteins	244	1768	unbkt.
29	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes β -Spectrin	247	3479	STS nicht gemappt
30	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	88	933	unbkt.
31	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	wahrscheinlich humanes Gegenstück des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (AREBP-2)" von Cricetulus griseus	269	2783	Hum. Chrom. 12 zw. D12S1648u. D12S1620 (53-65 cM)
32	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Protein Kinase A Anker-Protein; bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A	265	3411	Hum. Chrom. 17 zw. D17S790u D17S794 (75-84 cM).

Lfd.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom Lokalisat.
Nr.					
33	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Mi-2 Autoantigen, vermutlich eine Helicase, die die Transkription aktiviert	244	1393	Hum. Chrom. 12 zw. D12S93u D12S77 (12- 21 cM)
34	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	258	1236	unbkt.
35	ca. 10 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe und ausschl. in Brust exprimiert	humanes "obese protein" (ob)	237	749	Hum. Chrom. 7
36	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Duffy-Antigen (DARC-Gen)	271	1251	unbkt.
37	ca. 8 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise ein neues Mitglied der Familie der Adipophiline, dies sind Fettspeicher- assoziierte Proteine	199	3283	unbkt.
38	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Semaphorin E, vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis- Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz	240	2720	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
39	ca. 21 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint es im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	247	1036	STS nicht gemappt
40	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Prostatagewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 6 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes extrazelluläres Protein S1-5	265	2659	Hum. Chrom. 2 zw. D2S2371u. D2S388 (107-111 cM)
41	ca. 15x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Lipoprotein-Lipase	252	2939	Hum. Chrom. 8p21 (s. Literatur)
42	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniert "frizzled-related protein", also ein Gen, das im "wingless-pathway" ("frizzled" ist der "wingless"-Rezeptor) eine Rolle spielen könnte	273	3670	STS nicht kartiert

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
43	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	259	1025	Hum. Chrom. 10 zw. D10S222u. D10S597 (131-137 cM)
44	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe,	c-myc Proto-Onkogen	339	1219	Hum. Chrom. 8 zwischen D8S263 u. D8S284 (140-142 cM)
45	ca. 9x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise humanes Gegenstück eines Fetzellen-spezifischen Gens der Maus	328	538	unbkt.
46	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Profilin II, es spielt eine Rolle beim Zusammenbau des Zytoskeletts und möglicherweise auch bei der zellulären Endozytose	240	1776	Hum. Chrom. 3 zwischen D3S1555u D3S1299 (169-171 cM)
47	im Brustnormalgewebe erhöht	human placenta copper monamine oxidase	256	360	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrosom. Lokalisat.
48	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	157	2192	unbkt.
49	im Brustnormalgewebe erhöht	human ras-like protein	305	2952	unbkt.
50	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	188	615	Chrom. 7
51	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	290	1488	
52	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	174	1304	Chrom. 11
53	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	289	2262	unbkt.
54	im Brustnormalgewebe erhöht	Homologes zu human B4-2 protein mRNA	306	1301	Chrom. 6

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
55	im Brustnormalgewebe erhöht	human mitochondrial aldehyde dehydrogenase I	321	2036	Chrom. 12, D12S84- D12S369
56	im Brust- und Gehirnnormalgewebe	human mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase	269	1265	Chrom. 4
57	im Brustnormalgewebe erhöht	prepro-melanin-concentrating hormone	247	274	unbkt.
58	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	270	2073	Chrom. 2
59	in Brust- und Prostata normalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der humanen tob- Genfamilie	205	850	unbkt.
60	in Brust- und Blasen normalgewebe erhöht	unbekannt	229	2091	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
61	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Mouse Kryn	225	2952	Chrom. 4
62	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	223	2313	unbkt.
63	im Brustnormalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der PDGF-Rezeptorfamilie	192	1650	unbkt.
64	im Brust- und endokrinem Normalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Pig UMP-CMP Kinase	223	2851	human STS SHGC-36697
65	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	221	1071	unbkt.
66	im Brustnormalgewebe erhöht	human cAMP phosphodiesterase mRNA	199	2375	
67	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human antigen CD 36	221	1823	unbkt.
68	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homolog to Schizosaccharomyces pombe sad1+ gene; Spindle pole body protein	248	2403	unbkt.
69	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	230	1246	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
70	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human lipoprotein lipase	225	2939	Chrom. 8
71	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich neues humanes Gen mit eine DNA-Box, die für eine SH3-Domäne kodiert (SH3-Protein), diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation	263	1950	
72	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt, auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A	240	814	
73	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasen Gewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes humanes Gen, das mit Drosophila "frizzled" verwandt ist, es spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis)	404	3216	
74	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des Maus Sox-18 Gens, die Sox-Gene stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse wie z.B. die Sex-Determination (Sox9) mitsteuern. Sox-Gene weisen eine so.g HMG-Box ("high mobility group") auf, Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor")	264	747	
76	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	296	2419	

DE 198 13 835 A 1

Tabelle II

DNA-Sequenzen		Pepid-Sequenzen
Seq. ID. No.		Seq. ID. No.
5	1	77
	2	78
		79
		80
		81
10	3	82
	4	83
	5	84
	10	85
		86
15	11	87
	12	88
	13	89
	14	90
	15	91
20	18	92
	19	93
	20	94
	21	95
	22	96
25	23	97
	24	98
		99
	25	100
		101
30		102
		103
	28	104
	30	105
		106
35		107
	31	108
	34	109
		110
		111
40		112
	37	113
	42	114
	43	115
		116
45		117
	45	118
		119
		120
		121
50	48	122
		123
	50	124
		125
	51	126
55	52	127
	53	128
	54	129
	57	130
		131
60	58	132
		133
	59	134
		135
		136
65	60	137
	61	138
	62	139

DE 198 13 835 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.	
	140	
	141	
63	142	5
	143	
	144	
	145	
64	146	
65	147	10
68	148	
69	149	
	150	
71	151	
72	152	15
	153	
	154	
	155	
	156	
74	157	20
76	158	
	159	
	160	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

30

35

40

45

50

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

5

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- 10 (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- 15 (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

20

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

25

(iii) Anzahl der Sequenzen: 154

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- 30 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- 40 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

ATTGCATCAG	CCCGCCTGGA	AGAAGTCACT	GGGAAGCTAC	AAGTAGCTCG	GAACCTTATC	60	
ATGAGGGGGA	CGGAGATGTG	CCCCAAGAGT	GAAGATGTCT	GGCTGGAAGC	AGCCAGGTTG	120	5
CAGCCTGGGG	ACACAGCCAA	GGCCGTGGTA	GCCCAAGCTG	TCCGTCTATCT	CCCACAGTCT	180	
GTCAGGATTT	ACATCAGAGC	CGCAGAGCTG	GAAACGGACA	TTCGTGCAAA	GAAGCGGGTT	240	
CTTCGGAAAG	CCCTCGAGCA	TGTTCCAAAC	TCGGTTCGCT	TGTGGAAAGC	AGCCGTTGAG	300	
CTGGAAGAAC	CTGAAGATGC	TAGAATCATG	CTGAGCCGAG	CTGTGGAGTG	CTGCCCCACC	360	
AGCGTGGAGC	TCTGGCTTGC	TCTGGCAAGG	CTGGAGACCT	ATGAAAATGC	CCGCAAGGTC	420	10
TTGAACAAGG	CGCGGGAGAA	CATTCTTACA	GACCGACATA	TCTGGATCAC	GGCTGCTAAG	480	
CTGGAGGAAG	CCAATGGGAA	CACGCAGATG	GTGGAGAAGA	TCATCGACCG	AGCCATCACC	540	
TCGCTGCGGG	CCAACGGTGT	GGAGATCAAC	CGT3AGCAGT	GGATCCAGGA	TGCCGAGGAA	600	
TGTGACAGGG	CTGGGAGTGT	GGCCACCTGC	CAGGCCGTCA	TGCGTGCCGT	GATTGGGATT	660	15
GGGATTGAGG	AGGAAGATCG	GAAGCATACC	TGGATGGAGG	ATGCTGACAG	TTGTGTAGCC	720	
CACAATGCCC	TGGAGTGTGC	ACGAGCCATC	TACGCCTACG	CCCTGCAGGT	GTTCCCCCAGC	780	
AAGAAGAGTG	TGTGGCTGCG	CGCCGCGTAC	TTGAGAAGA	ACCATGGCAC	TCGGGAGTCC	840	
CTGGAAGCAC	TCCTGCAGAG	GGCTGTGGCC	CAC TGCCCCA	AAGCAGAGGT	GCTGTGGCTC	900	
ATGGGCGCCA	AGTCCAAGTG	GCTGGCAGGG	GATGTGCCTG	CAGCAAGGAG	CATCCTGGCC	960	20
CTGGCCTTCC	AGGCCAACCC	CAACAGTGAG	GAGATCTGGC	TGGCAGCCGT	GAAGCTGGAG	1020	
TCCGAGAATG	ATGAGTACGA	GCGGGCCCGG	AGGCTGCTGG	CCAAGGCGCG	GACAGTGCCC	1080	
CCACCGCCCG	GGTGTTCATG	AAGTCTGTGA	AGCTGGAGTG	GGTGCAAGAC	AACATCAGGG	1140	
CAGCCCAAGA	TCTGTGCGAG	GAGGCCCTGC	GGCACTATGA	GGACTTCCCC	AAGCTGTGGA	1200	25
TGATGAAGGG	GCAGATCGAG	GAGCAGAAGG	AGATGATGGA	GAAGGCGCGG	GAAGCCTATA	1260	
ACCAGGGGTT	GAAGAAGTGT	CCCCACTCCA	CACCCCTGTG	GCTTTTGCTC	TCTCGGCTGG	1320	
AGGAGAAGAT	TGGGCAGCTT	ACTCGAGCAC	GGGCCATTTT	GGAAAAGTCT	CGTCTGAAGA	1380	
ACCCAAAGAA	CCCTGGGCTG	TGGTTGGAGT	CCGTGCGGCT	GGAGTACCGT	GCGGGGCTGA	1440	
AGAACATCGC	AAATACACTC	ATGGCCAAGG	CGCTGCAGGA	GTGCCCCAAC	TCCGGTATCC	1500	30
TGTGGTCTGA	GGCCATCTTC	CTCGAGGCA	GGCCCCAGAG	GAGGACCAAG	AGCGTGGATG	1560	
CCCTGAAGAA	GTGTGAGCAT	GACCCCCATG	TGCTCCTGGC	CGTGCCAAG	CTGTTTGGGA	1620	
GTCAGCGGAA	GATCACCAG	GCCAGGGAGT	GGTTCCACCG	CACTGTGAAG	ATTGACTCGG	1680	
ACCTGGGGGA	TGCCTGGGCC	TTCTTCTACA	AGTTTGAGCT	GCAGCATGGC	ACTGAGGAGC	1740	35
AGCAGGAGGA	GCTGAGGAAG	CGCTGTGAGA	GTGCAGAGCC	TCGGCATGGG	GAGCTGTGGT	1800	
GCGCCGTGTC	CAAGGACATC	GCCAACTGGC	AGAAGAAGAT	CGGGGACATC	CTTAGGCTGG	1860	
TGGCCGGCCG	CATCAAGAAC	ACCTTCTGAT	TGAGCGGTTG	CCATGGCCGG	TCTCCGTGGG	1920	
GCAGGGTTGG	GCCGCATGTG	GAAGGGCTCT	GAGCTGTGTC	CTCCTTCATT	AAAAGTTTTT	1980	
ATGTCTCGTG	TCAGAAAAAA	AAAGAAAAGA	AAAAAGGGGG	CGCCCGGGGG	C	2031	40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1081 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

10 AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAACGAAA AACACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
   TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTCT GTGAATTCTA 120
   ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
   TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
   ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
15 GGTGTTGTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
   AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
   TTATTCCTTT CATTTCAGT GATGTTGGGA ATGGAAGTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
   AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTA GCCATTCTC 540
   ATTTTTTTCC TCAAATTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
20 TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTGT AAGGCAAGAG GTGATTCTC 660
   TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
   TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
   CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
25 AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAAC TAAGTTAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
   ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTT AAAATTCCCT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
   TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTT 1020
   TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
   A 1081
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

65

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120

```

GCGGGGGGCC GCGGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
 TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
 GCACCTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
 TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
 GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAA CTGTGGCCA 420
 AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
 AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
 CACTGAACCT CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
 ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
 TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
 CTGTGTGCTT TGTAAGGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTCCATTG CATCATTACT 780
 GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
 ACTTTAIGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTGA ATATTTGATA 900
 AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
 TTCTCCCCGA GCTCCCTGT TCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
 ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
 CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTT 1140
 GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTT TTGATGGCCA CATAATACT ACTGCATAAT 1200
 ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAACATGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
 TTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
 CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
 TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
 ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
 ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
 ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
 GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
 CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTCTTCT 480
 TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
 GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600

CTTTCACGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
 TTTCTGGATT TTAAATTA TAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAA AAAAGAAAGG 720
 AAGTAAAGG A 731

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

40 GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
 TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTAATAAGC AGAAACATTT 180
 TGTTTAAATG GCAGCCTGTT GGCACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
 45 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCT TTTTACTTT TTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
 TGGTCAATTT CCTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
 CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
 TGTTTGAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
 50 TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTAGGGGAA 600
 AAATAAATAC AATTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
 TGTTTATGTT AAAAAAATC TTGCTAAATG ATTCATCTT TAGGAAAAA TTAGTGGCA 720
 TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780
 55 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840
 CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATT 900
 CATTTTGGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTT CTGGAGTGGC 960
 CAGTTCCTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
 CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
 60 GACTGCAGCT GGACCGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAA TTGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
 GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCAACCCT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
 CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260
 ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320
 GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
 65 GGACGGGCCT GGGGGCGAG AAAGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440
 AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTTATTGGA TTCATTTTAT 1500
 TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560
 GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTGTAG TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620

TCAGCTGTAT	TTCCAGTAAC	ACAGCATCAT	CGCACTGACT	GIGGCGCACT	GGGGAATAAC	1680
AGTCTGAGCT	AGCACCACCC	TCAGCCAGGC	TACAACGACA	GCACTGGAGG	GTCTTCCCTC	1740
TCAGATTAC	CTGGAGGCC	TCAGACCCC	AGGGTGCACG	TCTCCCAGG	TCCTGGGAGT	1800
GGCTACCGCA	GTAAGTTCTG	GAGAGCACGT	TTTCTTCATT	GATAAGTGGA	GGAGAAATGC	1860
AGCACAGCTT	TCAAGATACT	ATTTTAAAAA	CACCATGAAT	CAGATAGGGA	AAGAAAAGTTG	1920
ATTGGAATGG	CAAGTTTAAA	CCTTTGTTGT	CCATCTGCCA	AATGAACTAG	TGATTGTCAG	1980
ACTGGTATGG	AGGTGACTGC	TTTGTAAGGT	TTTGTCGTTT	CTAATACAGA	CAGAGATGTG	2040
CTGATTTTGT	TTTAGCTGTA	ACAGGTAATG	GTTTTTGGAT	AGATGATTGA	CTGGTGAGAA	2100
TTTGGTCAAG	GTGACAGCCT	CCTGTCTGAT	GACAGGACAG	ACTGGTGTTG	AGGAGTCTAA	2160
GTGGGCTCAG	TTTGATGTCA	GTGTCTGGGC	TCATGACTTG	TAAATGGAAG	CTGATGTGAA	2220
CAGGTAATTA	ATATTATGAC	CCACTTCTAT	TTACTTTGGG	AAATATCTTG	GATCTTAATT	2280
ATCATCTGCA	AGTTTCAAGA	AGTATTCTGC	CAAPAGTATT	TACAAGTATG	GACTCATGAG	2340
CTATTGTTGG	TTGCTAAATG	TGAATCACGC	GGGAGTGAGT	GTGCCCTTCA	CACTGTGACA	2400
TTGTGACATT	GTGACAAGCT	CCATGTCCCT	TAAATCAGT	CACTCTGCAC	ACAAGAGAAA	2460
TCAACTTCGT	GGTTGGATGG	GGCCGGAACA	CAACCAGTCT	TTTGTATTTT	ATTGTTACTG	2520
AGACAAAACA	GTACTCACTG	AGTGTTTTTC	AGTTTCTTAC	TGGTGGTTTT	GATATTGTTT	2580
GTTTAAGATG	TATATTTAGA	ATGACATCAT	CTAAGAAGCT	GATTTTGCTA	AACTCCTGTT	2640
CCCTACAATG	GGAAATGTCA	CAAGAATGTG	CAAAAATAAA	AATCTGAGGA	AAAAACCCAA	2700
AAAATTCCTA	AAGAGAATG					2719

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gggcccgggca	gcccagctga	aggcaataag	ctgggctcac	cgctgcagca	gagttctgtg	60
ctagccgggc	ataggggcca	gagaaggccc	agaggcgacg	tcagagagaa	gcaactgcgc	120
cccgggtgaag	agaagctcgc	ccatcaccgg	ctgggagcca	gctttcagtg	aagatggcag	180
ggccagaact	gttgcttgac	tccaacatct	gcctctgggt	ggccttacc	atcgttatca	240
ctcttcgtag	acatgatccg	ccactacgtg	tccatcctgc	tggagagcga	caagaagctc	300
accaggaac	aagtatctga	caggggacga	ggcaccaca	gtccctctcc	cataagcctg	360
ccaagaagat	tgatgtggcc	cgtgtaacgt	ttgacctgta	caagctgaac	ccacaggact	420
tcattggctg	cctgaacgtg	aaggcgactt	tttatgatac	atactccctt	tcctatgatc	480
tgactgctg	tggggccaag	cgcatcatga	aggaagcttt	ccgctgggcc	ctcttcagca	540
tgcaggccac	aggccacgta	ctgcttgcca	cctcctgtta	cctgcagcag	ctcctcgatg	600
ctacggagga	agggcagccc	cccaagggca	aggcctcatc	ccttatcccg	acctgtctga	660

DE 198 13 835 A 1

```

agataactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgcag gaccctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
5 ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactgggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgccctcca 960
gcagtcgggc ctcacagggt gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatac tagcatgtga tattaggagg tttgcaataa 1080
10 attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa 1107

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 585 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aagggaggga 60
45 gggggcagga cagtgtggaa tctctagggg gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggt 180
tcccctcctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240
gggaaggcct taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
50 tgggtctcag tgcaagagga cagtgcactgt ggatgggtgc agtctctggt gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggctgtg agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aatagggggt ggggtggggt tgggggtggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaaactc tcgtgtaggg 600
55 ttgacaatgt ggggggggtg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aataccccct cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgct 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtggtgact gagttccctt tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta ttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc cccctgccct cccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
60 catctctccc tcatttctgg agcaggccct gagacctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgcctc ttttggacat taaagggtga ttgatgcaaa acaactttac aacggggtgg 1020
cttggggaag cctgggggtg gccggcttat ggggttgccg cg 1062

```

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 833 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attacaggca	tgagccactg	taccagcct	ttccttataa	aattcaaaga	gaaaatttct	60	30
acacctttat	ccctcaaata	aaacaagtgc	tcagttctta	ccgtgccctt	gcaagggtcta	120	
tatgtaaaag	aaatctgaaa	tttagctgta	gaataaaact	tgataaataa	aaagaaaaaa	180	
catcacatttc	tcagttgggt	ttgctctttg	cttggtgaag	taataaaccg	ttttaagag	240	
aaaataacttg	ctgtaaaccc	ccagtgcctt	caactctttt	ggcagaatat	ttttaagaa	300	35
atccagcaag	caaactttga	ggtgctaagt	aaagtaaagg	aaggtgggtat	ttctagtttt	360	
ggcagaaatg	aaaagtgtct	cacaagagac	atcactaccc	acgtgggggc	tggtgctttt	420	
ctaccaaaaga	catttagaga	agaagtgaat	tgagtcaggg	tgatggtgaa	cactacatat	480	
tttatagatg	gttaagttga	gaattaatta	tgtttatcat	ggatggctac	taataccaag	540	40
ctcatgattg	ttgcagcctc	aacgtcttag	gcagtaaaac	ttgtctgcag	cactaaaggg	600	
ggagaaaacc	ttatatattg	caaactgtcc	attcgttaaa	tttattgtaa	cctaatacca	660	
aaaactgccg	tttttccatat	tatttcccca	cctcctactt	tttttttttt	tttttgctac	720	
ttgtaaaata	accctttcta	gaaaataagc	attaactgga	atgtttcaaa	caattttgct	780	45
tcattttact	atcagccact	agtgaactct	tacagagatg	tacatttaag	ataaaattag	840	
cttgtgtctaa	gtgttttaaa	aacattgttt	actgtttaaag	gggaattgca	catttatattt	900	
aactgggatt	gtccctccc	tcagttcttt	aaaaaacaag	agtcaaggct	cacaccaact	960	
tgtaggctgt	gggagctttg	ccataggtag	atacaatgta	gaagtatact	tttttaaagc	1020	50
atgaagaaga	caaggaactt	cattataatg	taccaggtag	aggacattat	tattcaaagg	1080	
attatgcaca	gctcagtgaa	gatgaagtta	caatttttct	cgcagctttg	ttgctattat	1140	
tttcttctgc	ataaatgtat	gctcatttca	ttatgtgcct	tgctccctga	ttgtgcaaag	1200	
cttatatata	tatatatata	gatagataga	tagatagata	gatatatgag	agagatatat	1260	55
tcagtactac	tgaggatggt	tttctgagga	tggttttggt	ctgctggatt	aagttatttt	1320	
ccaagttact	cttgccagtt	atgtcagtaa	actattgtaa	tggtcttagca	cactagtcgt	1380	
acagtcagtg	taaattgttt	tcattttacat	gttttcatta	tatcagctta	tcaaatacctt	1440	
aataaaaaaa	attcatagat	ttcattttaa	c			1471	

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

60

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

25	gctccgtgcc	agcatgctac	cctgggaggc	acatccaggc	ttgggaaacg	ggggtgtcct	60
	ggatctcatg	actccagcag	caccagctgc	tctcttttcc	cttccaagta	gacttccggt	120
	cccccccac	ttgggtgttt	ttgtttgttt	tagcaattca	gagctcaaga	taaagacctt	180
	aaagataact	ttgtgtgtct	ctccctttct	aggtatttgc	ataggaatca	gaggagttaa	240
	tcttgtctct	tctcacaggt	ttgaatcttc	agacaaactc	ctgggaggac	tcggtccatg	300
30	cctgcgagca	gatgttccct	gtcaatcagt	aggcaaattg	gctacccatt	ctccccagaa	360
	atctcaccag	tgtgtctcact	gtgagaagac	gttcaaccgg	aaagaccacc	tgaaaaacca	420
	cctccagacc	cacgacccca	acaaaatggc	ctttgggtgc	gaggagtgtg	ggaagaagta	480
	caacaccatg	ctgggctata	agaggcacct	ggcctccat	gcggccagca	gtggggacct	540
	cacctgtggg	gtctgtgccc	tggagctagg	gagcaccgag	gtgctactgg	accacctcaa	600
35	agcccatggc	gaagagaagc	cccctagcgg	aaccaaggaa	aagaagcacc	agtgcgacca	660
	ctgtgaaaag	tgcttctaca	cccggaaagg	tgtgcgacgc	cacctggtgg	tccacacagg	720
	atgcaaggac	ttcctgtgcc	agttctgtgc	ccagagattt	gggcgcaagg	atcacctcac	780
	ccggcatacc	aagaagaccc	actcacagga	gctgatgaaa	gagagcttgc	agaccggaga	840
40	ccttctgagc	accttccaca	ccatctcgcc	ttcattccaa	ctgaaggctg	ctgccttgcc	900
	tcctttccct	ttaggagctt	ctgcccagaa	cgggcttgca	agtagcttgc	cagctgaggt	960
	ccatagcctc	accctcagtc	ccccagaaca	agccgcccag	cctatgcagc	cgctgccaga	1020
	gtccctggcc	tcctccacc	cctcggtatc	ccctggctcc	cctccgccac	cccttcccaa	1080
	tcacaagtac	aacaccactt	ctacctcata	ctccccactc	gcaagcctgc	ccctcaaagc	1140
45	agatactaaa	ggtttttgca	atatcagttt	gtttgaggac	ttgcctctgc	aagagcctca	1200
	gtcaccctcaa	aagctcaacc	caggttttga	tctggctaag	ggaaatgctg	gtaaagttaa	1260
	cctgcccgaag	gagctgcctg	cagatgctgt	gaacctaaaca	atacctgcct	ctctggacct	1320
	gtccccctgt	ttgggcttct	ggcagctgcc	ccctccctgc	acccaaaata	cctttgggaa	1380
	tagcactctt	gccttggggc	ctggggaatc	tttgcccac	agggttaagct	gtctggggca	1440
50	gcagcagcaa	gaacccccac	ttgccatggg	cactgtgagc	ctgggcccagc	tccccctgcc	1500
	ccccatccct	catgtgttct	cagctggcac	tggctctgcc	atcctgcctc	atttccatca	1560
	tgcattcaga	taattgattt	ttaaagtgtg	tttttcgta	tctggaagat	gttttaagaa	1620
	gcattttaaa	tgctagttac	aatatgagaa	agatttggaa	aacgagactg	ggactatggc	1680
55	ttattcagtg	atgactggct	tgagatgata	agagaattcc	cgaactgcat	gtattgtgcc	1740
	aatctgtcct	gagtgttcat	gctttgtacc	aaatttaatt	aacgcgtgtt	ctgtaatcaa	1800
	actgcaataa	ttgtcataac	caacatccaa	aatgacggct	gctatatata	agtgtttgtc	1860
	atatgggaatt	taatacgtaag	ccatgatcat	aatgttaaac	aaataacttt	atgtggcact	1920
	gcctagtaag	ggaactatgg	aaagggttgg	atttctccaa	atctggggaga	attttcaaaa	1980
60	taagaaaata	acctttatat	gatatactat	gactaggctg	tgtatttctt	ttcagggtat	2040
	tttctacctt	cagggttggg	tgtagtttag	ttactattac	catagccaac	ctgtagtttt	2100
	acataacat	tttcttgttg	agcaatagag	ttctccattc	tacagaagca	ttttaaatgt	2160
	agtttgtaata	ttttccacaa	gatgctgcaa	tgtgagttaa	cacttcattt	atcttaaaga	2220
	aagactaaaac	tggttgtcag	ttacattcga	cagaaaaaaa	aaaaaaatca	ctgtgttaacc	2280
65	agggttaagtg	gtaaaataat	ccaggcgctca	gtcaaaaggca	ttttgctgac	tttaaatattg	2340
	atttatatttt	taacaggaat	ttaaagaaat	attactggaa	ttaaaaatat	atatatatta	2400
	aacaagaatt	ttctttgctc	tgtctagctt	aaactactac	tcaagctgct	taagttctta	2460
	agtattgttt	gtaatcacca	ataaataagt	gcatttgtaa	ttcatcagtc	attattagct	2520

```

tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tgggtatctta 2580
ttaatgagtt ttaaagatgt aaaacctaac ctttttttaa gctccattgt cttatgtttt 2640
tagaggcttt tccgtaaaca tatactttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa 2700
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2738

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

40

```

cgccgcggcc cctcctccca gagcggcagc cttttccgcg gcgtgctgcc ttgcgcgctc 60
gggcccggcc ggggaaaaca tggcgtctgc cctggagcag ttcgtgaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtgggggaact 180
ccttgcgaa g aacttatccc atctggacac tgtgctcggg gctctgga g tacaagaaca 240
ctccttgggc gtccttctgt ttttgtttgt gaagttttct atgcccagtg ttccctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttccagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgaaca gacacttttg ctgggctttg ccatcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcatttct gacagccctt gcgaggaatt ggcaccttta agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaaccagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc ccttccatat cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtca tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat tttagtgtct 840
ttgatattac ttggcaaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac ccttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattca gaggctaaca 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggt cagtttccat gataaccctg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgtg aagtgcattg agctggatga gcggtgaaa 1320
gccatggacc aggatcacac agtgaacctc cagtttgtac aaaagagtat gggctcaca 1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1440
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1500
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1560

```

65

```

tgccttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaaa ctttaaagtc 1620
tgcgtgggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa 1710

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1089 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtgaaaagaa gctgtgctct tcctgtgggc ttcctttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat tttcacatcc agtggttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaag tgcagtgaat gggacggatg ttaggattcg aaatgggtct ctgaactgta 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgcgc ggcagcctac aacattgtga cacggctttc 300
aagcttcagg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatttc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt tttgggtttt 480
tggttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tggggttgta atgacctga 540
atagctcaaa aaaggtttta gcatggtcaa acaggcttat gggttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaaatgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggctc tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taaattgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt acctttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gatctgtgtt accttgggag ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcaccaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga tttaactacc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata tttcagtcac catttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaag agtcaatgac agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttagggtgta gcactgctca cccttgctgg 1260
caagttctcc ttaagggcct gaagcacagg tgtccaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtggtatat gatgtggtca gccctgggtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agccagatt atgccctgcc cacttcaatg atacactact ctccatcact ctccatcact 1440
ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gttttagagag gaactcttgt 1500
ggagagctgg tttattttct gccctgtgcg acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggg tttttgtttt ttgtgtttaa 1620
gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaaataa gtcaagatga 1680

```

cattttgtga	atgtagacta	tggatacact	cctaatagat	tgatgtagtc	ataaaaagggg	1740	
gtcaagtaga	tgtttttctg	ttatgtaagc	aataattttt	ccgtgtctta	ttgagtatgg	1800	
ctagcgatta	tttattacat	gctagatggg	ttctttgcat	gtgggttcca	tataggtgca	1860	
gaaatttcct	cagccactgg	agggatttcg	accatatttg	tcatttggat	gagctgttat	1920	5
tagattgaaa	tctacacatc	atttcattaa	aaattgtgcc	ttagaaaacg	caaagctgtt	1980	
gcacatggcg	ataaattatg	gatgcagtac	attgaagaga	gatgaagtca	cttccaagtt	2040	
tccaagactt	ctcatggagg	tgtttgctgt	tttacaggaa	aaaataaaaa	taaaaaaaga	2100	
aaaaaaagag	aaaaaattaa	attcaaaaat	tgttttgaaa	atgtacagat	caagtccaat	2160	10
attttgatta	tccacctgca	tgttttatta	aatttttga	taatgtggat	gtttacactt	2220	
tgcatgatat	tagcagagta	ccactagtaa	tgcaaaaaca	tgtacaatat	ggtcattcat	2280	
aaccgatttt	tatagaatac	tttttacatg	tgcaactcca	tccgttatgt	aaggattaca	2340	
tgaatattgc	acattccctt	ctggtttcac	aaaccattt	atacatattt	cttagtgagg	2400	
ctcattgtac	atgtattgaa	gctagaatcg	agtcaagaaa	aataaagccc	cattctccaa	2460	15
ctgcaaaatg	tgctttccca	taatgaacac	tagtcaccag	cacagaataa	tctccaacat	2520	
tttctaaatt	ctaattgcca	actgtttcta	tttatatttg	atttatattt	catttggagt	2580	
ctgtttacatg	gcagcttagg	cagactagat	cttgtttttt	ccaatgcagc	ataatgagta	2640	
tgatctattt	cttttcaaat	aatctttgag	atcccaggaa	aaaaaaaatg	ctctgtctca	2700	20
ttgagctata	atgtaaatgt	gtttgtttta	aaaacagggtg	aggcaagtga	gtgatttatt	2760	
gttcctgagg	aagtatatct	gatttttttt	ctcatactcc	aaaagctagt	ccctactctt	2820	
taataaaaaat	aatgggtaac	tttttgtttt	tcactagcga	acttccatga	catttccttt	2880	
ctatgtagtg	tgattaatgc	aatacataat	atagttatct	atacacagtg	taagatttaa	2940	
caaactgaaa	tgatccacct	catatgtgag	tccgtccaaa	agatgttact	gctctgggtg	3000	25
ggccagtgtt	ctatatcggt	tatactaact	ttcattttaa	gtatttatct	taaaatgcct	3060	
ctgagaaaca	gtaaaaaata	aaaacaacaa	gttgtctaaa	atgcaacagc	ttttatagta	3120	
aatgtacatt	tataaataaa	atactcaaat	caaaaaaaa			3159	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 876 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

aataatttga	tgcatctgga	atttatattt	ctcatattgt	tgtagatttt	aacattgtat	60
ttttttcttt	tttcttccct	ccctgtctgc	tctctctctt	caacagtcct	ggtacctggg	120
ctagcttggt	tcctttccaa	gtgtcaaaata	ggacacccat	cttaccggcc	aatgtccaaa	180

```

attacggttt gaacataatt ggagaacctt tccttcaagc agaaacaagc aactgagggg 240
aaaagaaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
5 accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatctt actgatggta gatcgagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggttttagtat tcttggtgtt 600
10 tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagtatcag tacagattta ttaaatttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa ccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
15 gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccctca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta tttcccttc agtttttgag ggcattaaaa 1140
20 aggcatataa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gctccttgg aggtagaatt tatttattta aaattactgg 1260
ttgcatcaag aaccatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag tttacaaact gggaacgcca 1380
gggtgtagga tataaaaacg cactcttgag aaaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
25 tgcattggtc tttcagacat tagccttgtt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aattttaatt aaaaatactc 1560
tttcagtaa tcctaatgtg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
atctaaaaaa caaaaaacaa azaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac 1680

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
65 tagtcaccat ggcttggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcagggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtgtgt 300

```


DE 198 13 835 A 1

gggaggagat	caacagggct	ggcatggaat	ggtaccagac	gtgctccaac	aatgggctgg	360	
tggcaggatt	ccagagccgc	tacttcgagt	cagtgtgga	tcgggagtgg	cagttttact	420	
gttgctcgta	cagcaagagg	tgcccatatt	cctgctggct	aacaacagaa	tatccaggtc	480	
actatgggtga	ggaaatggac	atgatttcct	acaattatga	ttactatatc	cgaggagcaa	540	5
caaccacttt	ctctgcagtg	gaaaggcatc	gccagtggaa	gttcataatg	tgccggatga	600	
ctgaatacga	ctgtgaattt	gcaaagtgtt	agatttgcca	cataccaaat	ctgggtgaaa	660	
ggaaaggggc	cggggacagg	agggtgtcca	catatgttaa	catcagttgg	atctcctata	720	
gaagtttctg	ctgctctctt	tccttctccc	tgagctggta	actgcaatgc	caacttcctg	780	
ggcctttctg	actagtatca	cacttctaata	aaaatccaca	attaaacccat	gtttctcact	840	10
tttcacatgt	ttcatagcaa	ctgctttata	tgactgatga	tggttctctt	gcacaccaca	900	
tatacagtgc	gcatgcttac	agccgggctt	ctggagcacc	agctgcagcc	tggtactctg	960	
tttttactgc	agaatgaact	gcaagttcag	catagtggag	gggagaggca	gaactggagg	1020	
agaggtgcag	tgaaggttct	ctacagctaa	gcctgtttga	atgatacgtg	ggttcccccac	1080	15
caaaagcagg	ctttctgccc	tgagggacat	cttcccactc	ccctgctcca	catgagccat	1140	
gcatgcttag	caatccaagt	gcagagctct	ttgctccagg	agtgaggaga	ctgggaggtg	1200	
aatggggaa	atggaagggt	ttggaggcag	agctgaaaac	agggttggaa	ggatttcctg	1260	
aattagaaga	caaacgttag	cataccagct	aaggaaaatg	agtgcagggg	ccaggggaac	1320	
ccgtgaggat	cactctcaaa	tgagattaaa	aacaaggaa	cagagaatgg	tcagagaatg	1380	20
ggattcagat	tggaacttg	tggggatgag	agtgaccagg	ttgaactggg	aagtggaaaa	1440	
aggagtttga	gtcactggca	cctagaagcc	tgcccacgat	tcctaggaag	gctggcagac	1500	
accctggaac	cctggggagc	tactggcaaa	ctctcctgga	ttgggcctga	tttttttggg	1560	
gggaaaggct	gccctgggga	tcaactttcc	ttctgtgtgt	ggctcaggag	ttcttctgca	1620	25
gagatggcgc	tatctttcct	cctcctgtga	tgtcctgctc	ccaaccattt	gtactcttca	1680	
ttacaaaaga	aataaaaata	ttaacgttca	ctatgctgaa	aa		1722	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa	attaaagttg	aaaaagactt	gaagactgga	gaaagtacag	ttctgtcttc	60	
aattacctct	gccatcagat	gactttaaag	ctacaggaat	aaaagtattat	gatgatgggc	120	65
aaaagtcagt	gtatgcagta	agttctaata	acagtgcagc	atacaatggc	accgatggcc	180	
tggcaccagt	tgaagtagag	gaacttctaa	gacaagcctc	agagagaaac	tctaaatccc	240	
caacagagta	tcattgagcct	gtatatgccca	atccctttta	caggcctaca	acccacacaga	300	

```

gagaaacggg gacccttga ccaaactttc aagaaaggat aaagattaaa actaatggac 360
tgggtattgg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tggcttttca gaggaaggag 420
gaaacaactt caatcacatc agtcccatcc cgccagtgcc tcatccccga tcagtgtatc 480
5 aacaagcaga agagaagctt cacaccccg ccaaaaaggc aatgactcct tgggaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc cccagagaga 600
caatatttgg gaaatctgaa caccagaatt ctccaccac ttgtcaggag gacgaggaa 660
atgtcagata taatatcggt cattccctgc ctccagaca aaatgatata gaaccgggtg 720
10 caatgatttt catgggggtat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tgggatcatc catgctgagc tgggtgtga tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaa ccgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgtacc 900
agccagccaa accaacacca ctctctagaa aaagatcaga agctagtcct catgaaaaca 960
caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatctctgaa agagcaagaa gaaagcttag 1020
15 gcagccctgt ccaccattcc ccatttgatg ctccagaca tggagatggg actgaggatc 1080
catcttaaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggtg atctaagagt 1140
tgtaccacct atataaacat cttttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct 1200
tctggatatt ttgtttatct tttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat 1260
20 taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa ttcccaaaa gctggggaaa 1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcag gggggaaaac cagcattttt 1380
tattctattg ataccaaagc atttctaata agagcttgt aaattttaaga ataaagttat 1440
ttaaaatata aagagtatat tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg 1500
aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagta tcaactctga caaataaata 1560
25 tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcctgctaaa aa 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 387 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

60

```

ggggtttcac cccacattcg tcaggttggg ttcaaactcc ctgacctttg tgatcccacc 60
ccgctctggc ctcccaaaag tgcttgggat taccaggcat gagcccatca caccctggtc 120
aactttcttt tgattagtgt ttttggtgta tatcttttcc catcatgtta ctttaaatat 180
atctatatta ttgtatttaa aatgtgtttc ttacagactg catgtagtgt ggtataattt 240
65 ttatccagtc taaaaatata gtctttttaa ttggtgttta gacaatttat atttaataaa 300
attgttgaat ttaagatgga tgacgggtat tgggtggcgg tcaccacttc tgtttattct 360
cttccagaat tctttggatt gttaaat 387

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc	aggcatacgg	ccttacctgg	ctacactggc	aggcaacttc	cgaatgcctg	60	35
tgttgaggga	gtacctgatg	tctggaggta	tctgccctgt	cagccgggac	accatagact	120	
atttgctttc	aaagaatggg	agtggcaatg	ctatcatcat	cgtggtcggg	ggtgcccgtg	180	
agtctctgag	ctccatgcct	ggcaagaatg	cagtcaccct	gcggaaccgc	aagggccttg	240	
tgaaactggc	cctgcgtcat	ggagctgacc	tggttcccat	ctactccttt	ggagagaatg	300	
aagtgtacaa	gcaggtgatc	ttcgaggagg	gctcctgggg	ccgatgggtc	cagaagaagt	360	40
tccagaaata	cattgggtttc	gccccatgca	tcttccatgg	tcgaggcctc	ttctcctccg	420	
acacctgggg	gctggtgccc	tactccaagc	ccatcaccac	tgttgtggga	gagcccatca	480	
ccatccccaa	gctggagcac	ccaacccagc	aagacatcga	cctgtaccac	accatgtaca	540	
tggaggccct	ggtgaagctc	ttcgacaagc	acaagaccaa	gttcggcctc	ccggagactg	600	45
aggtcctgga	ggtgaactga	gccagccttc	ggggccaatt	ccctggagga	accagctgca	660	
aatcaactttt	ttgctctgta	aatttggaag	tgctcatggg	gtctgtgggt	tattttaaag	720	
aaattataac	aatttttgcta	aaccattaca	atgttaggtc	ttttttaaga	aggaaaaagt	780	
cagtatttca	agttctttca	cttccagctt	gccctgttct	aggtgggtggc	taaatctggg	840	
cctaactctgg	gtggctcagc	taacctctct	tcttcccttc	ctgaagtgac	aaaggaaact	900	50
cagtcttctt	ggggaagaag	gattgccatt	agtgacttgg	accagttaga	tgattcactt	960	
tttgccccta	gggatgagag	gcgaaagcca	cttctcatac	aagccccttt	attgccacta	1020	
ccccacgctc	gtctagtcc	gaaactgcag	gaccagtttc	tctgccaagg	ggaggagtgt	1080	
gagagcacag	ttgccccgtt	gtgtgagggc	agtagtaggc	atctggaatg	ctccagtttg	1140	55
atctcccttc	tgccacccct	acctaccccc	tagtcactca	tatcgagacc	tggaactggc	1200	
tccaggatga	ggatgggggt	ggcaatgaca	gcctgcaggg	gaaagagctt	tcgcccgtgg	1260	
acgatttttag	gggggggtttc	gccaccagtt	ggtgtggggg	gtta		1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1533 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

	gcgaggagct	ggcagcgagc	cagggccttt	gctcaagaag	ccataccagc	caagaattaa	60
30	aatctctaaa	acatcagtg	atgggtgatc	ccactttgtt	gtggatttcc	ccctgagcag	120
	actcaccgtg	tgcttcaaca	ttgatgggca	gcccggggac	atcctcaggc	tggtctctga	180
	tcacagggac	tctgggtgtc	cagtgaacgg	agagttaatt	ggggcaccgc	cccctccaaa	240
	tggccacaag	aaacagcgca	cttactttcg	cactatcacc	atcctcatca	acaagccaga	300
	gagatcttat	ctcgagatca	caccgagcag	agtcattctg	gatgggtggg	acagactggg	360
35	gctcccctgc	aaccagagt	tggtgggtgg	gagctggggg	ctggaggtgt	ccgtgtctgc	420
	caacgccaat	gtcaccgtca	ccatccagg	ctccatagcc	tttgtcatcc	tcattccacct	480
	ctacaaaaag	ccggcgccct	tccagcgaca	ccacctgggt	ttctacattg	ccaacagcga	540
	gggcctttcc	agcaactgcc	acggactgct	gggtcagttc	ctgaatcagg	atgccagact	600
40	cacagaagac	cctgcagggc	ccagccagaa	cctcactcac	cctctgctcc	ttcaggtggg	660
	agaggggcct	gaggccgtcc	taacagtcaa	aggccaccaa	gtcccagtg	tctggaagca	720
	aaggaagatt	tacaacgggg	aagagcagat	agactgctgg	tttgccagga	acaatgccgc	780
	caaactgatt	gacggggagt	acaaggatta	cctggcatcc	catccatttg	acacagggat	840
	gacacttggc	caggggaatg	ccagggagct	ctgaagctgg	cagccttaaa	gatgcaagt	900
45	catgaaggac	agtgtgtgg	ggaggccgtg	gggcagctct	tttcatggct	tgtacacgcc	960
	tcagctcctg	gcaattagct	ggactccaag	accacccct	ggtgcagcat	agatccgacg	1020
	tctgtctggg	cgaagggtag	gggtgggtag	gggcgggaag	cctgagtgc	aatgtcattt	1080
	ccctctactg	cctcttctg	cctctcccca	ccctgccac	atccacagag	gggagagaag	1140
50	ggtcatagct	aatgcaaca	aagtctgtat	cttgtcccaa	cctgcttttc	tggtctgtta	1200
	gcatatcata	aagtaagcct	ttctgggtga	ggaagggtgc	tatgaaactt	tttttcttgg	1260
	tggaaatggc	caagtttagg	cactctgctt	tttgccctac	actaatgctt	agaaagctgt	1320
	cttttcagtg	gtgttgcagc	ccccagatgt	gtggccaacc	tctgctgcaa	aggaatctct	1380
	tgctgagtc	aggccaccaa	tcaggcaaat	agcccataca	tttgatcggt	gtaaaccatg	1440
55	aagtcttttc	ttgcaagacg	tttttctct	gctgtggtat	cttgccctta	aaaattagtt	1500
	ttcattaaaa	agaaatttga	ttgaaaataa	aaa			1533

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

caagtgtgag	ccaccacacc	tggcctggaa	ggaacctctt	aaaatcagtt	tacgtcttgt	60	
atthttgttct	gtgatggagg	acactggaga	gagttgctat	tccagtcaat	catgtcagag	120	25
cactggactc	tgaaaatcc	attggttcc	ttattttatt	tgagtttaga	gttcccttct	180	
gggtttgtat	tatgtctggc	aaatgacctg	ggttatcact	tttctccag	ggtagatca	240	
tagatcttgg	aaactcctta	gagagcattt	tgctccacc	aaggatcaga	tactggagcc	300	
ccacataata	gatttcattt	cactctagcc	tacatagagc	tttctgttgc	tgtctcttgc	360	30
catgcacttg	tgcggtgatt	acacacttga	cagtaccagg	agacaaatga	cttacagatc	420	
ccccgacatg	cctcttcccc	ttggcaagct	cagttgccct	gatagtagca	tgthttctgtt	480	
tctgatgtac	ctttttttctc	ttcttctttg	catcagccaa	ttcccagaat	ttccccaggc	540	
aatttgtaga	ggaccttttt	gggttccctat	atgagccatg	tcttcaaagc	ttttaaacct	600	
ccttgctctc	ctacaatatt	cagtacatga	ccactgtcat	cctagaaggc	ttctgaaaag	660	35
aggggcaaga	gccactctgc	gccacaaagg	ttgggtccat	cttctctccg	aggttgtgaa	720	
agttttcaaa	ttgtactaat	aggctggggc	cctgacttgg	ctgtgggctt	tgggaggggt	780	
aagctgcttt	ctagatctct	cccagtggag	catggagggtg	tttctgaatt	ttgtctacct	840	
cacagggatg	ttgtgaggct	tgaaaaggtc	aaaaaatgat	ggccccttga	gctctttgta	900	40
agaaaggtag	atgaaatatt	ggatgtaatc	tgaaaaaaag	ataaaatgtg	acttcccctg	960	
ctctgtgcag	cagtcgggct	ggatgctctg	tggtctttct	tggttctca	tgccacccca	1020	
cagctccagg	aaccttgaag	ccaatctggg	ggactttcag	atgtttgaca	aagagggtacc	1080	
aggcaactt	cctgctacac	atgccctgaa	tgaattgcta	aatttcaaag	gaaatggacc	1140	
ctgcttttaa	ggatgtacaa	aagtatgtct	gcctcgatgt	ctgtactgta	aatttctaatt	1200	45
ttatcactgt	acaaagaaaa	ccccttgcta	tttaattttg	tattaaagga	aaataaagtt	1260	
ttgtttgtta	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaa		1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

15	gtccctggcg	ccctgccttt	agccgtgggg	ccccacctc	caccctctgg	gtttcctagg	60
	aatgtccagc	ctcggagacc	ttcacaaagc	cctgggaggg	tgatgagtgc	tggtcctgac	120
	aagaggccgc	tggggacact	gtgctgtttt	gtttcgtttc	tgtgatctcc	cggcacgttt	180
	ggagctggga	agaccacact	ggtggcagaa	tcctaaaatt	aaaggaggca	ggctcctagt	240
	tgctgaaagt	taaggaatgt	gtaaaacctc	cacgtgactg	tttggtgcat	cttgacctgg	300
20	gaagacgcct	catgggaacg	aactgggaca	ggtgttgggt	tgaggcctct	tctgcaggaa	360
	gtccctgagc	tgagacgcaa	gttggctggg	tggccacac	cctggctctc	ctgcagggtc	420
	acacaccttc	caggcctgtg	gcctgcctcc	aaagatgtgc	aagggcaggc	tggctgcacg	480
	gggagaggga	agtattttgc	cgaaatatga	gaactggggc	ctcctgctcc	cagggagctc	540
25	cagggccctt	ctctcctccc	acctggactt	ggggggaact	gagaaacact	ttcctggagc	600
	tgctggcttt	tgcacttttt	tgatggcaga	agtgtgacct	gagagtccca	ccttctcttc	660
	aggaacgtag	atgtcggggt	gtcttgccct	ggggggcttg	gaacctctga	aggtggggag	720
	cggaacacct	ggcctccttc	cccagcactt	gcattaccgt	ccctgctctt	cccagggtgg	780
	gacagtggcc	caagcaaggc	ctcactcgca	gccacttctt	caagagctgc	ctgcacactg	840
30	tcttgagca	tctgccttgt	gcctggcact	ctgccggtgc	cctgggaagg	tcggaagagt	900
	ggactttgtc	ctggccttcc	cttcattggc	tctatgacac	ttttgtggtg	atggaaagca	960
	tgggacctgt	cgtctcagcc	tgttggtttc	tcctcattgc	ctcaaaccct	ggggtagggtg	1020
	ggacgggggg	tctcgtgccc	agatgaaacc	atttgaaaac	tcggcagcag	agtttgtcca	1080
35	aatgaccttt	ttcaggatgt	ctcaaagctt	gtgccaaagg	tcacttttct	ttcctgcctt	1140
	ctgctgtgag	ccctgagatc	ctcctcccag	ctcaagggac	aggtccctggg	tgaggggtggg	1200
	agatttagac	acctgaaact	gggcgtggag	agaagagccg	ttgctgtttg	ttttttggga	1260
	agagctttta	aagaatgcat	gtttttttcc	tggttggaat	tgagtaggaa	ctgaggctgt	1320
	gcttcaggga	tggtaacaatc	aagtggggga	ttttcatgct	gaaccattca	agccctcccc	1380
40	gcccgttgca	cccactttgg	ctggcgctcg	ctggagagga	tgtctctgtc	cgcattcccg	1440
	tgcagctcca	ggctcgcgca	gttttctctc	tctccctgga	tgttgagtct	catcagaata	1500
	tgtggtagg	gggtggacgt	gcacgggtgc	atgattgtgc	ttaaacttgg	tgtatttttc	1560
	gatttgacat	ggaaggcctg	ttgctttgct	cttgagaata	gtttctcgtg	tccccctcgc	1620
45	aggcctcatt	ctttgaacat	caactctgaa	gtttgataca	gataggggct	tgatagctgt	1680
	ggtccctctc	cccctctgac	tacctaaaat	caatacctaa	atacagaagc	cctgggtctaa	1740
	cacgggactt	ttagtttgcg	aagggcctag	atagggagag	aggtaacatg	aatctggaca	1800
	gggagggaga	tactatagaa	aggagaacac	tgctactttt	gcaagccagt	gacctgcctt	1860
	ttgaggggac	attggacggg	ggccgggggc	gggggttggg	tttgagctac	agtcataaac	1920
50	tttggcgctc	tactgattcc	tccaactctc	caccaccaca	aataacgggg	accaatattt	1980
	ttaaactttg	ctattttgtt	ttgggtgagt	ttccccctc	cttattctgt	cctgagacca	2040
	cgggcaaagc	tcttcatttt	gagagagaag	aaaaactggt	tggaaccaca	ccaatgatat	2100
	tttcttttgt	aatacttgaa	atttattttt	ttattatttt	gatagcagat	gtgctattta	2160
	tttatttaat	atgtataagg	agcctaaaca	atagaaagct	gtagagattg	ggtttcattg	2220
55	ttaatgggtt	tgggagcctc	ctatgtgtga	cttatgactt	ctctgtgttc	tgtgtatttg	2280
	tctgaattaa	tgacctggga	tataaagcta	tgctagcttt	caaacaggag	atgcctttca	2340
	gaaatttgta	tattttgcag	ttgccagacc	aataaaatac	ctggttgaaa	tacaaaaaaa	2400
	aaa						2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

25

cagagtga	aa	ccttg	gcct	ggtg	accaa	gtccct	ccaa	agtgt	ctctc	cttct	gggtt	60
attcaag	cca	aatat	ctgg	tttccc	ctc	tcctc	attcc	ctagc	aaacc	ccaatt	tatct	120
tccaag	atag	gagat	atttc	ccatccc	ctt	ccttg	tataa	tatct	catct	cccact	ggag	180
agccc	aggag	cctatt	ctctg	gcatg	gatgt	tctgt	ccaca	cttg	aggctg	ggcgg	tgtat	240
cagacc	cttc	aagc	agcctg	gctgg	ggccc	aggact	gagt	ctggg	gtcag	ctttc	acgg	300
cgcttt	cccc	ttcgt	cacca	cccacc	acag	cccacc	cttgc	atgcat	ggcc	agcccc	tcca	360
ctccag	cctg	agccat	gtgt	gcccct	gcgg	gaggacc	cat	tcatg	ccaga	aagct	ggtaa	420
ctccct	ccca	gcatc	ctgc	ggaag	gagtc	agttt	ctgag	agtgt	gactt	ttcaag	gcga	480
atgat	gggga	aggtt	cccc	agtc	ccccaca	gtggc	ccccac	ctctg	ggccc	tgcacc	agag	540
ccctt	ctgtg	tcacg	gcggg	ctgtg	caccc	atgc	acacac	ctacg	cacac	acaac	actcc	600
gcactg	cagt	atatt	cttgc	caaag	atttc	ctttaa	aaagc	aagc	actttt	actaat	tatt	660
atttt	gtaaa	tgttt	tattct	cttct	gtctt	ctcc	ctccct	gaat	ctattt	tactgt	tgtt	720
tattgt	tga	tctgt	gtgtc	agcc	aggaga	gcgt	gtctg	gcctt	gaaca	tgggt	ctggga	780
tggga	aagg	tctgg	gagaa	gatgg	gcaec	aaag	agccag	ggagt	catgg	acatc	gcagc	840
gacgc	agag	ccagc	aggtt	cagt	cccgtg	ctgcc	accag	ctgtc	cagst	gggtg	tctgg	900
aggga	aagg	gcag	aggag	gtcat	gtccc	ttcag	ctggg	ggagg	ggccc	agtga	ctcc	960
acgtg	gcctt	ttcccc	aaagg	gagca	agagg	gaagg	attgg	gcgag	aaaaac	aatgg	agagg	1020
ggacct	gcga	aggaaa	acag	ggagg	aagt	agcgg	tttga	tcagc	ctgct	atcac	ggtgt	1080
tctggt	ctctc	ttattt	tagcc	aggcg	cttaa	gggac	agata	catca	catcc	taagt	ttggg	1140
aaagg	ccttt	gaccc	atgtc	atctg	agcgt	ctcct	ccagt	agctc	tgaaa	gctgt	ggaca	1200
ccaat	ggcca	ggatt	ctctc	ttccc	ctggt	tttg	aggatc	cctgg	gtctt	ctgag	actgg	1260
ccagg	agagg	gatgg	tggg	ccagt	ggtt	tgtga	aaagca	ggagg	ggcag	ccctc	ctgga	1320
caagt	gtgat	cccc	tataa	acgg	ctctca	ggagg	ttagt	gagta	ggaga	ttctg	ccctg	1380
ttctg	atgag	cctgt	gcagg	ggctc	cagg	gagca	tgtctg	tcagg	ggggc	acaga	aagggt	1440
ggtg	agtgtg	atcaa	atcta	gtctc	actcc	cactt	tttag	tctac	ctct	acttt	tgtcc	1500
accac	ccctg	cctct	ggat	cttcc	cccac	ttttt	ttttc	agctt	tagga	cctgg	ggaga	1560
tcctg	tgagt	caagg	cagac	accca	atcct	gcccc	acac	tcggg	gtcct	ccaag	aggtt	1620
ggggg	gcaga	gtccc	agagc	agccc	tttac	cccag	gtcca	ggccc	tgaa	tcctg	agact	1680
cgcgt	ttcct	tggcc	agtg	taaca	cagga	cgtgt	gtgcg	catgt	gcaag	tgtgg	agtga	1740
tgtgt	gtgcg	tgtgt	tttgc	tcatt	ttctt	aggg	aactt	ggagt	cgggg	ttgg	aggtgc	1800
tggg	caatg	aactt	caa	aat	tcaat	gtcgc	ccagc	agtga	gggg	agtcgg	gaggt	1860
ctg	taggcca	acca	attggt	ggagt	ctcag	cgata	cccag	gtgag	aagt	gttca	cccag	1920
agggg	cagg	tgggg	gcctc	gggc	agatct	gtccc	ctctg	gcccc	ctctg	cctca	aatgt	1980
ccaaa	atggt	ggagg	acctc	tgttc	atatac	ccacg	ccctg	gctct	tgcca	gcagt	ggagt	2040
tactg	tagag	ggatg	tccca	agctt	gtttt	ccaat	cagt	ttaag	ctgtt	tga	aaactctc	2100
ctgtg	tctgt	gtttt	gtttt	tgt	gtgtg	tgcgt	gtgtg	tcagt	gtgtg	caggt	ctgtc	2160
ttcccc	atatt	ctctc	ctccc	ttcag	acc	ctatt	tgagaa	caaat	gttaag	aaatc	cccttc	2220
ccacc	accct	ccctg	cctcc	cagg	ccctct	gcggg	ggaaa	caag	atcacc	cagca	tcctt	2280
cccc	acccca	gctgt	gtatt	tatat	agatg	gaaat	atact	ttata	ttttg	tatca	tcgtg	2340
cctat	agccg	ctgcc	accgt	gtata	aatcc	gggtg	atg	tcctt	atcct	ggaca	tgaat	2400

```
gtattgtaca cagacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt 2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517
```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```
gtatgccctc agaatcacga caactggtgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcggtatth caccttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat tttggaaacc 300
tacgttcctt ccactttcct ggtgggtgtt tcctgggttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctct caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420
taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacatga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaacccag 600
taatgttgat cactattcca aactactgtt tcctttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcat gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaatgta 960
ctcagggctg tttattcggg ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaa 1020
ggagaccatt gggtaacctt caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt 1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt 1140
tctagttttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tggaagtcaa 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattattttat tcccacaaca 1260
gaattatccc caattttcaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa 1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattcccat 1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat 1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ccttttccca tgcattggatg gaaatggaag 1500
atTTTTTTTT aacttgttct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgca 1560
attgagtcga ttttctagct gcctttatc acatagtgtg ggggtactaa aagtactggg 1620
ttgactcaga gagtcgtgt ccagtcgtgc attgctgcta ctctaaca 1668
```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1416 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

tttttaaaaca	aatagtttta	ttaccaaatt	tgaattctaa	ggaattacac	atttaaagaa	60	35
ataacataaa	aaggccctac	tagtctaaaa	aagttttgga	gacttttttag	tgaaatgtca	120	
tttcaggcct	agtggctcga	atctgcccc	cctgcgggtc	catgcgatgc	cctgctgagg	180	
tctgtgaaca	cagctcatga	gaaaccacgg	aaatggcccg	aatgtgctta	cgtgtgaaaa	240	
tactgatact	gtgattcaac	agagctgttt	ttcaagccag	gatgcagaat	gaggaatact	300	
aatgaaatga	cggcctttaa	ggttggtgct	tttgaagtca	agtcattcag	tttggtgatta	360	40
gtgttttaaaa	ccctgaaaat	atttaataca	gaataaaaac	aataagctca	aagtacatgt	420	
ttcactataa	tagacaccat	attcatgaac	ctgggttttg	ttttggcaac	acataatttt	480	
tggtttagaa	gtgaacaatg	aaaacggatg	tttcacattc	aatatcctag	tcttttaaaa	540	
cctatgttaa	aggacagcac	agtctttcaa	aggaagaaaa	ctatgtaagc	tttatttttaa	600	45
cagtgggaagt	taaactaaac	cttgatctgc	ctaattgctc	acatctatat	atatatatta	660	
gtaatttata	tagatgtcag	caattaggca	gatcaagggt	tagtttaact	tccactgtta	720	
aaataaagct	tacatagttt	tcttcctttg	aaagactgtg	ctgtccttta	acatagggtt	780	
ttaaagacta	ggatattgaa	tgtgaaacat	ccgttttcat	tgttcacttc	taaaccaaaa	840	
attatgtggt	gccccaaaca	aaccaggtt	catgaatatg	gtgtctatta	tagtgaaaca	900	50
tgtactttga	gcttattgtt	tttattctgt	attaaatatt	ttcagggttt	taaacactaa	960	
tcacaaactg	aatgacttga	cttcaaaagc	aacaacctta	aaggccgtca	tttcattagt	1020	
attcctcatt	ctgcatcctg	gcttgaaaaa	cagctctgtt	gaatcacagt	atcagtattt	1080	
tcacacgtaa	gcacattcgg	gccatttccg	tggttttcca	tgagctgtgt	tcacagacct	1140	55
cagcagggca	tcgcatggac	cgcaggaggg	cagatttcgga	ccactaggcc	tgaaatgaca	1200	
tttactaaaa	agtctccaaa	acattttctaa	gactactaag	gccttttatg	taattttctt	1260	
aaatgtgtat	ttcttaagaa	ttcaaatgtg	taataaaaact	atttgtataa	aaatttaagct	1320	
tttattaatt	tgttgctagt	attgccacag	acgcattaaa	agaaaacttac	tgcacaagct	1380	
gctaataaat	ttgtaagctt	tgcatacctt	aaaaaa			1416	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

30  ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggcgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
    gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
    ggtggtatcc atttcagtca ccattctctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
    cacaggcctc ttctgtgtcc tgggaattgt gctcctgggtg actgggattg tcactagcat 240
35  tgtgctctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggccat 300
    ttgtttcacc ctgttccctg cttacgacac acagctgggtc ctggggaacc ggaagcacac 360
    catcagcccc gaggactaca tcaactggcg cctgcagatt tacacagaca tcatctacat 420
    cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tcgcaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
40  ccgcatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tggctcgggc 540
    tttaggcccc ttctcttccc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
    ggtggcctct ctggctatgg atgtgtgggt acttgggtggg gacggaggag ctagggacta 660
    actgttgctc ttggtgggct tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
    ctactgtatg acaccacatt cttcctaaca gctgggggtt tgaggaatat gaaaagagcc 780
45  tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgaac ttcaagggtc cgagggtccc 840
    ctcccacctc tgtcacaggc ttcttgacta cgtagttgga gctatttctt ccccagcaa 900
    agccagagag ctttgtcccc ggcctcctgg acacataggc cattatcctg tattcctttg 960
    gcttggcatc ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccatgggt ctcccttgctt 1020
50  caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggtaggga tgggggacag 1080
    ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctgggct 1140
    tgctcctggc ttgtgacgct ataagacaga gcaggccaca tgtggccatc tgctcccat 1200
    tcttgaaaagc tgctggggcc tccttgagg cttctggatc tctggtcaga gtgaactctt 1260
    gcttcctgta ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
55  ggaagtagcc aggtgaaga gagactcgtt gcgggcaggg agaatgcctg ggggtccctc 1380
    acctggctag ggagataccg aagcctactg tggtagtgaa gacttctggg ttctttcctt 1440
    ctgctaaccg agggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt cttaagttgc 1500
    actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccaactgcctt ctttgtaata 1560
    ttaagtgcct tgagctggaa tgggaagggt ggacaagggt cagtctgtcg ggtgggggca 1620
60  gaaatcaaag cagccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
    atatcacaca aagggataca actataaatg taataaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
    aaaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt 1768

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:		
(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare		
(B) TYP: Nukleinsäure		5
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA		10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN		15
(iii) ANTI-SENSE: NEIN		
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		20
(C) ORGAN:		
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:		25
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29		30
ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg cttctcctcaat cggaaacacg agtgggagggc	60	
ccacaataag aaagcctcaa gcaggtcctg gcacaatggt tattgtgtca taaataacca	120	
agaaatgggt ttctacaaaag atgcaaagac tgctgcttct ggaattccct accacagcga	180	
ggctccctgtg agtttgaaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa	240	35
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtac ctcttccaag ccaaagacaa	300	
agagaagcgg ttacgccttt ttggcaaaaa gaaatgaact cctttccttc acctcctgcc	360	
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat	420	
tcttgccgct tccatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttgggcg	480	
tatacaggag aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtgga	540	40
gaccttacag agaattgcaca ctacatttga gcattgacac caggctctgg gcacacaggt	600	
gaggcagctg caggaggatg cagcccgccct ccaggcgccg tatgctgggtg acaaggccga	660	
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtccctcc tggacgcctg	720	
tgagagccgc aggggtgcgc tggtggacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatgggt	780	45
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc	840	
aagggatgta tcatctgttg aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaaat	900	
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag	960	
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa	1020	
agaaatgatc gacaagtggg aagaccgatg ggaatggtta agactgattc tggaggtcca	1080	50
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga ggcttggtg cttggacagg agccgtacct	1140	
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgaggtggag aagctcatca agcgcacga	1200	
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctgac	1260	
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcgcc	1320	55
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agaggaaagc gagtcccagc agcagtggga	1380	
tacttcaaaa ggagaacaag ttcccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg	1440	
gatggcagaa acggtggaca caagcgaatg ggtcaacggc gctacagaac aaaggacgag	1500	
ctctaaagag tccagcccca tcccctcccc gacctctgat cgtaaagcca agactgccct	1560	
cccagcccag agtgccgcca ccttaccagc cagaacccag gagacacctt cggcccagat	1620	60
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggccac aataagaaaag cctcaagcag	1680	
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc	1740	
aaagactgct gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc	1800	
tgctgcgaa gtggcccttg attacaaaa gaagaacac gtattcaagc taagactaaa	1860	
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca	1920	65
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgaggtg tctgccagca cccagagcac	1980	
gccagcatcc agccgcgcgc agaccctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc	2040	
cagtcccggc aagcgggaaa aggacaaaga gaaagacaaa gagaagcgggt tcagcctttt	2100	

DE 198 13 835 A 1

```

tggcaaaaag aaatgaactc ctttccctca cccctgccc ttctcttacc ttttcagtga 2160
aattccagca tgcaagctca gaaccaacac attactctct gtgcctaatag ttcttcaatg 2220
tgggtgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg gggggggtgg gggaaacaca 2280
5 cctaaacact ttatctcaa gttacaaaag tttgaggtgc agagggaagg ccagattttt 2340
tttttaaatga aattatatag attagatctc agtatttaaa ctgttcctca attttgtgag 2400
gctgtgttg aaataacccg cctctagtgc tgttggtatg caaggcagcg gtgcttaatc 2460
aatatttcct gtgctcacca gaggcaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc 2520
10 atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccgaga tggggctaac 2580
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa 2640
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacfa acacacgaca tgcggctttt 2700
ctgcatcaac tgctatgacg gtttaagaatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat 2760
actgttttaa ataactgtta atttcaattt tttttttttt gctgaaatac attatattgt 2820
15 acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccctttta 2880
atcattggta agtgtaacaag tggtggaact gaagcattta ctggacaaaag taatgttact 2940
ctaattggtta cttgctcgtg cgttgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct 3000
atgtgataca tagtggtgat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc 3060
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg 3120
20 gaggtggctg ctcaggcctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgcct 3180
atctgttaaa tatatgctat gtcattaaat gcttttaaat ctaaaaaaa aaaaagtgtg 3240
tggtcttctc ctgctgcgtg tgcattgccc gtagggaaac tgcaaagggg agaaatgaca 3300
aacaagaaac attttacaac cagtctgggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt 3360
25 gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga 3420
gagaaaaaaa agaaaaaaga gaaaaaaaaa agaaagaaaa aagaagagga ggagagaac 3479

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 933 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

gctcctccct tccttctttt tacatttttag tcttagcatt tactttcccc accccacatt 60
cttggaacag cctttagttc tacaggaaat ggcactgatg gacagaagac tagcattacc 120
ttcatgaaag ggctgttaga gctgcctggg aagaagcgt gccttgggga actgggaaga 180
65 tgccgtcagt gtgggtgggc aggaggacag ccagtgtcc tgctgccagc ccaatagctt 240
ccagcggcag gtgccagggt gctaccggag ccctcatag gggtaggggc agggactgca 300
cctcctccag gcaactcatg taagcctcct ggtactctc atggggcttg accattatca 360
cacagggtggg gcgcttggga cctgcggctg caccaggctc cgttcagagg ggaaagaagt 420

```

DE 198 13 835 A 1

gctgtttgga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgacccacc	430	
agcctaactct	ggcccacaac	catgttctgt	tgggtccatg	ttctatataa	aagcatcttg	540	
aattgggttg	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catggtccag	ccacacaggg	600	
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gctccagccc	agcagggggt	gtcccgggtcc	660	5
ctgccacccc	cacttcctgt	gcctcagatc	tggcccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720	
acaggccctt	ctgagcctaa	acccacctaa	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagctt	780	
acaaagctct	ttcacatata	tctatctctt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840	
ttggttctta	ccatcaggcc	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900	10
ccaagaagtg	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gacttttaaaa	aaatttttac	agttattttt	attttgtaga	atgagctgaa	agccagtgg	60	
ggcgaaatca	aaattcataa	aatggagcaa	aaggagaatg	tgcacccagg	tcctgaggtc	120	
tgcatacccc	atcaggaagg	ggaaaagatt	tctgcaaatg	agaatagcct	ggcagtcctg	180	50
tccacccctg	ccgaagatga	ctcccgtgac	tcccagggtta	agagtggagt	tcaacagcct	240	
gtccatccca	agccactaag	tccagattcc	agagcctcca	gtctttctga	aagttctcct	300	
cccaaagcaa	tgaagaagtt	tcaaggacct	gcaagagaga	cctgcgtgga	atgtcagaag	360	
acagtctatc	caatggagcg	tctcttgccc	aaccagcagg	tgtttcacat	cagctgcttc	420	
cggtgctcct	attgcaacaa	caaactcagt	ctaggaacat	atgcatcttt	acatggaaga	480	55
atctattgta	agcctcactt	caatcaactc	tttaaatcta	agggcaacta	tgatgaaggc	540	
tttgggcaca	gaccacacaa	ggatctatgg	gcaagcaaaa	atgaaaacga	agagattttg	600	
gagagaccag	cccagcttgc	aaatgcaagg	gagacccctc	acagcccagg	ggtagaagat	660	
gcccctattg	ctaagggggg	tgtcctggct	gcaagtatgg	aagccaaggc	ctcctctcag	720	60
caggagaagg	aagacaagcc	agctgaaacc	aagaagctga	ggatcgccctg	gccacccccc	780	
actgaacttg	gaagttcagg	aagtgccttg	gaggaaggga	tcaaaatgtc	aaagcccaaa	840	
tggcctcctg	aagacgaaat	cagcaagccc	gaagttcctg	aggatgtcga	tctagatctg	900	
aagaagctaa	gacgatcttc	ttcactgaag	gaaagaagcc	gccatttcac	tgtagcagct	960	
tcatttcaaa	gcacctctgt	caagagccca	aaaactgtgt	ccccacctat	caggaaaggc	1020	65
tggagcatgt	cagagcagag	tgaagagtct	gtgggtggaa	gagttgcaga	aaggaaacaa	1080	
gtggaaaatg	ccaaggcttc	taagaagaat	gggaatgtgg	gaaaaacaac	ctggcaaaac	1140	
aaagaatcta	aaggagagac	aggggaagaga	agtaaggaag	gtcatagtgt	ggagatggag	1200	

DE 198 13 835 A 1

```

aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag cttcctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggctcg gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactactca gaatcagaaa tcccaggatg tggaaactctg ggagggagaa 1380
5 gtggtcaaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtcacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgttagcg 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaa 1560
tttacttgga agtaactttg gaaaagaatt cttctttaa atcaaaaaca aaacaaaaaa 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc atttttagca 1680
10 tgatgatatg cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctattttgga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaacatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgat atttttaaat gaataccaat 1920
15 ttaatttttt agtatttacc tgtaaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatataat gaggaattta ctactttatg tcctgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcgggtg ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc tttgtatct 2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaatgatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct 2220
20 cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt 2280
ccgtgttaga gcaaagtga gagtttaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccttttt gagacactaa 2400
tttttaataa ctactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcagggtga 2460
25 aattaaacca actataggcc ttttcttggt gatgatttct tagtcttaag gtttggggac 2520
attataaact tgagtacatt tgtgttacac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag 2580
ggaaggtgt cttaagctgt aggcctttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta 2640
atatttttta gagatgtaa acattctgct ttcttagtct taccagtct gaaacatttt 2700
tattcaataa agattttaat taaatttga aaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg 2760
30 aaaaaaaaaa gggcgccgc cgc 2783

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

65

```

gaagctctgt tgtctcgga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctctttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccagggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaaagta gggtcatcga gtcggctcac 180

```

DE 198 13 835 A 1

acagagctgg	caaaggacga	tgcggcgcca	gcaccccccag	tcgcagacgc	caaagcccag	240	
gatagaggtg	tcgagggaga	actgggcaat	gaggagagct	tgatagaaa	tgaggagggc	300	
ttggatagaa	atgaggaggg	cttggataga	aatgaggaga	gcttggatag	aaatgaggag	360	
ggcttgata	gaaatgagga	gattaagcgg	gctgccttcc	agataatctc	ccaagtgatc	420	5
tcagaagcaa	ccgaacaggt	gctggccacc	acggttggca	aggttgcagg	tcgtgtgtgt	480	
caggccagtc	agctccaagg	gcagaaggaa	gagagctgtg	tcccagttca	ccagaaaact	540	
gtcttggggc	cagacactgc	ggacctgcca	cagcagaggc	agctgttgcc	ccgccggatg	600	
ctggcctccc	cttgccaggc	ctaccagcag	agggtcacc	accaccaaag	acctacgtga	660	10
gctgcctgaa	gagccttctg	tccagcccca	ccaaggacag	taagccaaat	atctctgcac	720	
accacatctc	cctggcctcc	tgcctggcac	tgaccacccc	cagtgaagag	ttgccggacc	780	
gggcaggcat	cctggtggaa	gatgccacct	gtgtcacctg	catgtcagac	agcagccaaa	840	
gtgtcccttt	ggtggcttct	ccaggacact	gctcagattc	tttcagcact	tcagggtctg	900	
aagactcttg	cacagagacc	agctcgagcc	ccagggacaa	ggccatcacc	ccgccactgc	960	15
cagaaagtac	tgtgcccttc	agcaatgggg	tgctgaaggg	ggagtgttca	gacttggggg	1020	
ctgaggatgg	atggaccatg	gatgcggaag	cagatcattc	aggaggttct	gacaggaaca	1080	
gcatggattc	cgtggatagc	tgttgcagtc	tcaagaagac	tgagagcttc	caaaatgccc	1140	
aggcaggctc	caaccctaag	aaggctcagc	tcatcatctg	ggagatcgag	gtgccaaaag	1200	
acttagtcgg	tcggctaatt	ggcaagcagg	ggcgctatgt	gagtttctg	aagcaaacat	1260	20
ctggtgccaa	gatctacatt	tcaacctctg	cttacaccca	gagcgtccag	atctgccaca	1320	
tagaaggctc	tcaacatcat	gtagacaaag	cgctgaactt	gattgggaag	aagttcaaa	1380	
agctgaacct	caccaatata	tacgctcccc	cattgccttc	actggcactg	ccttctctgc	1440	
cgatgacatc	ctggctcatg	ctgcctgatg	gcatcacctg	ggaggtcatt	gtggtcaacc	1500	25
aggtcaatgc	cgggcacctg	ttcgtgcagc	agcacacaca	ccctaccttc	cacgcctctg	1560	
gcagcctcga	ccagcagatg	tacctctgtt	actctcagcc	tggaatcccc	accttgcccc	1620	
ccccagtgga	aataacggtc	atctgtgccc	cccctggtgc	ggacggggcc	tggtggcgag	1680	
cccaagtggg	tgcctcctac	gaggagacca	acgaagtgga	gattcgatac	gtggactacg	1740	
gcgatataaa	gagggtgaaa	gtagacgtgc	tccggcaaat	caggtctgac	tttctacccc	1800	30
tgccgtttca	gggagcagaa	gtccttctgg	acagtgatg	gcccctgtca	gacgatgacc	1860	
agttttcacc	ggaagcagat	gcccgcctga	gcgagatgac	ggggaataca	gcactgcttg	1920	
ctcaggtgac	aagttacagt	ccaactggtc	ttcctctgat	tcagctgtgg	agtgtggttg	1980	
gagatgaagt	ggtgtgata	aaccgggtccc	tggtggagcg	aggccttgcc	cagtgggtag	2040	35
acagctacta	cacaagcctt	tgacccccat	gctgcttctt	gagagtcttt	ttttgcaactg	2100	
ttgaaattgg	gcttggcact	caagtcaaa	atgaacatcg	gaataacaaa	cattgtcctc	2160	
tccagaaagt	cctttctttc	tccatactgt	agtcctattg	agaagacatt	tcgtctctga	2220	
gaaaaaagg	tggaactatg	ggttctcttc	gcaaaagccaa	aggatagtgt	ttaaacaagcc	2280	
agctggctta	tcctggttct	cagctgtttc	aaccagattg	tcctattccc	cctgttccat	2340	40
tcccctcttc	ttccttctat	ctccttcccc	ggcaaaaacc	aaacaaactg	gcagacaggc	2400	
cagggatgta	tgttgcttgc	ttgagagggg	ttcttttact	tcaaaatctt	tcttcaggga	2460	
gcaagacatg	aactgactaa	ttggtatcca	ctactgttac	agcttacata	aatgagttga	2520	
tgatatttaa	ccagttttta	tzaacttcat	ttaggtctct	aaacacagac	tttttaaatt	2580	45
gcaactgtaa	atatgaaatg	gtcatcacat	ctgaccttgg	tcagtgggga	ggggaactgg	2640	
tatcctgcc	agcctggttg	taatttgtaa	ccattttcta	tttgtgcaa	ctctgtaaat	2700	
atgtgtttaa	acaaatgtaa	tattttgtac	aagatacact	ggagaacaaa	gggaactcaa	2760	
gattcttcca	gccacatgac	acctgtaggt	agaagtaaac	tctgcagtc	agcttctgct	2820	
cttggccccc	ctggccaggg	cccctgtggc	ttcctgcaca	ctggacaggt	gactgtatgg	2880	50
tagagactgt	gatctgggaa	ctttttgctg	tacaaatctg	tttaaaaaaa	agagttgatg	2940	
atatttaacc	agtttttata	aacttcattt	aggtctctaa	acacagactt	tttaaaattg	3000	
caactgtaaa	tatgaaatgg	tcatcacatc	tgaccttggg	cagtggggag	gggaactggg	3060	
atcctgccaa	gcctggttgt	aatttgtaac	catttttctat	ttgtgcaaac	tctgtaataa	3120	
tgtgttttaa	caaatgtaat	attttgtaac	agatacactg	gagaacaaag	ggaactcaag	3180	55
attcttccag	ccacatgtca	cctgtaggta	gaagtaaaact	ctgcagtgca	gcttctgctc	3240	
ttggccccc	tgccaggggc	ccctgtggct	tctgcacac	tggaacaggtg	actgtatggg	3300	
agagactgtg	atctgggaac	tttttgctgt	acaaaaagta	actcattgaa	tttaacttgca	3360	
gtggtgtgtt	tgattctttt	ttagactggc	ttcagcattg	tgcagtttaa	a	3411	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

30  gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
    gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcattgttta acattgcaga tgggtggtttt 120
    actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
    tatgagatct ggcatcgacg gcatgactac tggctgcag ccggcattat aaaccatggc 240
    tatgcccgtt ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccatcctcaa tgagcctttc 300
35  aaggggtgaa tgaaccgttg caatttctta gagatcaaga ataaatttct agctcgaagg 360
    ttttaagctct tagaacaagc tctggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgcttacttg 420
    aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgcctt tgctgaggtg 480
    gagtgttttg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
    gccaatgcag tcctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
40  gctgatgtga tccgactccc agctaccatt gcccgaaatt ccccagttgc tgtgaggtta 660
    cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaaacc gggcacccga acctacccca 720
    cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
    gaccttcttc actttctctt gtcccagctt ctcccctggg ggccctgagag acctcacct 840
45  tccttctgcc catctccat gttgtaaagg aacagcccca gtgcactggg ggaggggagg 900
    gagtgagggg cagtgttgcc cttctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
    tctgcaggag ctggcgggct ggccctcttg accctggctt ctccccactg taacgcctgt 1020
    tacacacaaa ctgtgtgtgg ttcttgccag gcttgaagaa aatgatctga attttttcct 1080
    ccttttggtt ttattttgtt ggtttatttt gtgttttctt ttctcctttt tggggggtat 1140
50  tcagagtttg ctgggccctt gggcgagaca cagctacctc tgttggcatc tttttaatac 1200
    caggaaccca gcggtcttag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa 1260
    aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaataa 1320
    aagtttcctt gtattttaaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggag 1380
55  gggggagagg agt 1393
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

20

gtgggccacc	cctaatacact	attgtctcct	aaaggtat	tttcacccctctt	cgccctggtag	60
agccctcaca	gctcttcaga	gcaagcactg	gactacaagg	gcatgggtca	caaaagggtta	120
atggatgggg	gttacctagc	cctggcta	atccccctcca	ttcccaactc	tctctctctt	180
tttgaagaaa	aatgctaagg	gcagccctgc	ctgcccctccc	catccccccg	tgtaaatata	240
cactattttt	gatagcacac	atggggcccc	catatctctt	ggccttggtt	ttgatgttga	300
aatcctggcc	ttgggagaga	tgccttccag	gcagacacag	ctgtctgggt	caggccaagc	360
ccctttgcaa	tgcaagccct	ttctgggtgt	atgaagtccc	tctatgtcgt	cgttttcacc	420
agcaactggg	gactgtccct	tcgacacgga	cctgctttga	gatttcctga	cagggaaaag	480
atctctgtcc	atctttttcc	tgtgccta	agcataattg	ccttttccta	tgtaaatatt	540
atgatgggtg	atcaagacat	aagtaaatga	gcctttctgc	ctcacatcag	ccctgtgtat	600
aaagccatta	ttctctgatg	cactgtttgc	cccagtaact	cacttttaaaa	cctctctttc	660
cagtgttccc	tctctccctc	cagggccact	gcttgaagaa	gaatatgtat	gtttctatct	720
tgtatgtctg	tgtgcccctc	ctgccccgaa	agtgtgact	atggggaaat	cttttagctg	780
ctgtttttag	actccaagga	gtggaatta	tgtggaagaa	gcaaacctga	tacaatttgc	840
ccaaggtaaa	cagtttgaaa	agacaaatgg	gcttgccaaa	ctgtacagtt	tcttccccc	900
gagctggttag	gtatcaaaat	gttgtccctt	ccccccctccg	tgtttttctg	gttgagatca	960
tgtcattgat	gaactgccaa	agtcagggga	ggagggcaga	gactttgtgt	ttacatctgc	1020
atttctacat	gttttagaca	gagacaattt	aaggcctgca	ctcttatttc	actaaagaaa	1080
aactaatgtc	agcacatggt	gctaatagaca	gtggattttt	ttttaataaa	aaaagtttac	1140
agatcaaatg	tgaataaaat	atgaatggag	tggctctctt	gtctgttatc	tgagttttca	1200
aaagctttaa	gactctggga	acatctgatt	ttatgg			1236

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

15 ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
   ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
   gaccataaca gccaacaggt gccaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
   agcattacgt gagccaggta atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
   aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
   agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
20 gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
   tgaagggtaa agaagtttga tattaagga gttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
   tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
   ctaatcaggc tgaggtgtct taagcctttt gctcacaaaa cctggcaciaa tggctaattc 600
   ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
25 aaaaaagttt ggccgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
   ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg 749

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

60 gtgaccccca taggcctgag gcttgtgcag gcagtgggag tggggtaagg cttcctgatg 60
   cccctgtgct ctgccagaa cctgatggcc ctcatatagc cttggctctt atcttggaa 120
   cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
   ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc cctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
65 ttcgaagatg tatggaattc ttcctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
   gatgccaaac tgggaagcgc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
   ctgcccctct tcatactcac cagtgtcctg ggtatcctag ctagcagcac tgtcctcttc 420

```

atgcttttca	gacctctctt	ccgctggcag	ctctgccctg	gctggcctgt	cctggcacag	480	
ctggctgtgg	gcagtgccct	cttcagcatt	gtggtgcccg	tcttggtccc	agggctaggt	540	
agcactcgca	gctctgccct	gtgtagcctg	ggctactgtg	tctggtatgg	ctcagccttt	600	
gcccaggctt	tgtctgctag	gtgccatgcc	tccctgggcc	acagactggg	tgcaggccag	660	5
gtcccaggcc	tcaccctggg	gctcactgtg	ggaatttggg	gagtggctgc	cctactgaca	720	
ctgcctgtca	ccctggccag	tggtgcttct	ggtggactct	gcaccctgat	atacagcacg	780	
gagctgaagg	ctttgcaggc	cacacacact	gtagcctgtc	ttgccatctt	tgtcttgttg	840	
ccattggggt	tgtttgagc	caaggggctg	aagaaggcat	tgggtatggg	gccaggcccc	900	
tggtgaata	tcctgtgggc	ctgggttatt	ttctggtggc	ctcatggggt	ggttctagga	960	10
ctggatttcc	tggtagggtc	caagctgttg	ctggtgtcaa	catgtctggc	ccagcaggct	1020	
ctggacctgc	tgtgaacct	ggcagaagcc	ctggcaattt	tgcactgtgt	ggctacgccc	1080	
ctgctcctcg	ccctattctg	ccaccaggcc	accgcacccc	tcttgccctc	tctgcccctc	1140	
cctgaaggat	ggtcttctca	tctggacacc	cttggaaagca	aatcctagtt	ctcttcccac	1200	15
ctgtcaacct	gaattaaagt	ctacactgcc	tttgtgaaaa	aaaaaaaaaa	a	1251	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag	caocttccag	aactggttac	ctagtacccc	cgccacctcc	tgggggtggac	60	
tcaccagttc	caggaccaca	gacaatgggtg	gggagcagac	tgccctgagc	ccccaagagg	120	
ccccgttctc	tggcatctcc	acgcccccg	atgtgctcag	tgtaggcccg	gagcctgcct	180	55
gggaagccgc	agccactacc	aagggccttg	cgactgacgt	ggcgacgttc	acccaagggg	240	
ccgccccagg	cagggaggac	acggggcttt	tgaccaccac	acacggcccc	gaagaagccc	300	
cacgcttgcc	aatgctgcag	aatgagttgg	aggggctggg	ggacatcttc	caccccatga	360	
atgcgaggga	gcaagctcag	ctggctgcct	cccagcccg	gccaaaggtg	ctgtcggcgg	420	60
aacaggggag	ctacttcgtt	cgtttaggtg	acctgggtcc	cagcttccgc	cagcgggcat	480	
ttgaacacgc	ggtgagccac	ctgcagcacg	gccagttcca	agccagggac	actctggccc	540	
agctccagga	ctgcttcagg	ctgattgaaa	aggccagca	ggctccagaa	gggcagccac	600	
gtctggacca	gggtcagggt	gccagtgcgg	aggacgctgc	tgtccaggag	gagcgggatg	660	
ccgggggttc	gtccagggtc	tgcggccttc	tccggcagct	gcatacggcc	tacagtggcc	720	65
tgggtctccag	cctccagggc	ctgcccgcgg	agctccagca	gccagtgggg	cgggcgcggc	780	
acagcctctg	tgagctctat	ggcatcgtgg	cctcagctgg	ctctgtagag	gagctgcccg	840	
cagagcggct	ggtgcagagc	cgcgaggggt	tgcaccaggc	ttggcagggg	ttagagcagc	900	

```

5  tgctggaggg cctacagcac aatccccgc tcagctggct ggtagggccc ttcgccttgc 960
   ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggccccgc gcggggtcgc cctgctctgt 1020
   ccaggaggga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaa 1080
   gccctagacc tttggggctg cagctggctg agcgccgagg ggcgcggag gcagtgacct 1140
   tcttaactga gccacccac gccctgctcc gggcctgcct gcactccca cctcctcccc 1200
   agcgtgcct gccctctcg gagcctgggg tcactcagac caccagccaa gagccttccc 1260
   ttgaagccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg cccagcctgg 1320
10 aagggcatct gtttgccccg ctagcaaccc ttttatatct agcagggtc ttcagtcct 1380
   gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtg aggcagtgt gtggcatccc aggtccggg 1440
   cagctccgtt ctcatgctga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgagggtct 1500
   taagaaccac attccctcat agtagaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcacatc 1560
   ccaaggcagg ctgctactgc ctttgtgag ccccggggtg gcctcacggt ggggacaaag 1620
15 ctgccaggag ccacagcagc cacagctgag cctttgcacc agcctggctt gagactgagc 1680
   agtttgagg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg 1740
   cccaccacag gcctgcccc ggcacctggg gctctgaggc ccctggggag gctgggccc 1800
   gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatgga 1860
20 gggatcagac agggctggga acagccacag aggtgcgtg cctatggcac agcccttcct 1920
   ccgccgcaca ctccccctgg gtccctcaggc ccaccaagc gccgggctgc agaggaagcg 1980
   gggctgggga ggtgcaggc atcagagaca ctggtggtg cggaaccggc cggcgggccc 2040
   cgtgctctca ggtagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggtcggg tgtgagact 2100
   gccgtggctg gctcagtc agcggggagg agccgttcag cccggcctcc ccaggaagcc 2160
25 atatccccac tcaccggta agagaacctt gtcgtccct ttccatgctc tcctaggaca 2220
   cgagcccagg aaccccagac ccagggggag gaaggggtga ggggccccag gggtcaccat 2280
   gtgaccagg ggcgtgagg ggcggggca ttcagctcag ctctgaaccg ggaagctgg 2340
   cagggcaagg actgcctcag gtgacggggc gtgagagggg acgggtcagg agccttccca 2400
   agccttctcc tcagcccagc acccatggc atcggaggct aggatgccag acacagccat 2460
30 ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca 2520
   gctcaggaa tcccttccc ccacaccaca gcctaattct tactgggacg gaggcaactc 2580
   ggctacgctg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc 2640
   acggggtgac ttgcttggga ccgtgccac gtgacagccc ctatgcaga ggaggaaaga 2700
35 gaagccccga gtgggagggg aacctgtcca aagtcacacg gtgtgtgggt gacacagctg 2760
   gggtgagtcg aggttgcccc ctgaggccca tgctccctga acgttgga caactgtcgg 2820
   ctagcagcgg ctctcaggga aggcctggtc tccaccctcc cagcctagcc tcggggacc 2880
   tcgtctctcc cacatcggac ctgctcacct gcctggacc tgggtgcca gatgcaggaa 2940
   gcatcaaaac cccagcctc gtgggtgcgg ggcagggcgc aggcagcaca gcttagatgc 3000
40 cctggtttgt cctctttgtc tcctgggaag agcttgctcc cgcccagctc tcctgccact 3060
   ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga 3120
   tggctcaacc cagtcccaaa cgggcccagt gacactgccg actgcacccc agctcaggcc 3180
   cccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gccaatcaaa gtgatttctt ttttcattaa 3240
45 aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtat atgctggccg ggc 3283

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

10

agaaaatag	ttcaagcaga	ccatagccaa	gatcaacttc	aaagtttttag	attcagaaat	60
ggtggctgt	gtgacggaca	aatggtcccc	gtggacctgg	gccagctctg	tgagggcttt	120
acccttccac	ccgaaggaca	tcattggggc	attcagccac	tcagaaatgc	agatgattaa	180
ccaatactgc	aaagacactc	ggcagcaaca	tcagcaggga	gatgaatcac	agaaaatgag	240
aggggactat	ggcaagttaa	aggccctcat	caatagtcgg	aaaagtagaa	acaggaggaa	300
tcagttgcc	gagtcataat	atcttcttat	gtgggtctta	tgcttccatt	aacaaaatgct	360
ctgtcttcaa	tgatcaaatt	ttgagcaaa	aaacttgtgc	tttaccaagg	ggaattactg	420
aaaaagggtga	ttactcctga	agtgaagttt	acacgaactg	aaatgagcat	gcattttctt	480
gtatgatagt	gactagcact	agacatgtca	tggtcctcat	ggtgcatata	aatatattta	540
acttaaccca	gattttattt	atatctttat	tcaccttttc	ttcaaaatcg	atatgggtggc	600
tgcaaaaacta	gaattgttgc	atcccccaat	tgaatgaggg	ccatatccct	gtgggtattcc	660
tttcctgctt	tggggcttta	gaattctaat	tgctagtgat	tttgatatg	aaaacaagtt	720
ccaaatccac	agcttttacg	tagtaaaagt	cataaatgca	tatgacagaa	tggttatcaa	780
aagaaataga	aaaggaaagc	ggcattttaa	gtgtataaaa	aacacgagtt	attcataaag	840
agaaaatgat	gagtttttat	ggttccaatg	aaatatgttg	gggttttttt	aagattgtaa	900
aaataatcag	ttactgggat	ctgtcactga	ccittgtttc	cttattcagg	aagataaaaa	960
tcagtaacct	accccatgaa	gatatttggt	gggagttata	tcagtgaagc	agtttggttt	1020
atattcttat	gttatcacct	tccaaacaaa	agcacttact	ttttttggaa	gttattttaa	1080
ttattttaga	ctcaaagaat	ataatcttgc	actactcagt	tattactggt	tggtctctta	1140
ttccctagtc	tgtgtggcaa	attaaacaat	ataagaagga	aaaatttgaa	gtattagact	1200
tctaaataag	gggtgaaatc	atcagaagaa	aaaatcaaag	tagaaactac	taatttttta	1260
agaggaattt	ataacaaata	tggttagttt	tcaacttcag	tactcaaatt	caatgattct	1320
tccttttatt	aaaaccagtc	tcagatatca	tactgatttt	taagtcaaca	ctatatattt	1380
tatgatcttt	tcagtgtgat	ggcaagggtgc	ttgttatgtc	tagaaagtaa	gaaaacaata	1440
tgaggagaca	ttctgtcttt	caaaaaggtaa	tggtacatac	gttcaactgt	ctctaagtgt	1500
aaaagtagta	aattttgtga	tgaataaaat	aatttatctc	taattgtatg	ttagaataat	1560
tttattagaa	taatttcata	ctgaaattat	ttcttccaaa	taaaaatrag	atggaaaaat	1620
gtgaaaaaaa	ttattcatgc	tctcatatat	attttaaaaa	cactactttt	gcttttttat	1680
ttacctttta	agacattttc	atgcttccag	gtaaaaacag	atattgtacc	atgtacctaa	1740
tccaaatata	atataaacat	tttattttata	gttaataatc	tatgatgaag	gtaattaaag	1800
tagattatgg	ccttttttaag	tattgcagtc	taaaacttca	aaaactaaaa	tcattgtcaa	1860
aattaatatg	attattaatc	agaatatcag	aatatgattc	actattttaa	ctatgataaa	1920
ttatgataat	atatgaggag	gcctcgctat	agcaaaaaata	gttaaaatgc	tgacataaca	1980
ccaaacttca	tttttttaaaa	aatctgttgt	tccaaatgtg	tataatttta	aagtaatttc	2040
taaagcagtt	tattataatg	gtttgcctgc	ttaaagggtg	taattaaact	tcttttctct	2100
tctacattga	cacacagaaa	tgtgtcaatg	taaagccaaa	accatcttct	gtgtttatgg	2160
ccaatctatt	ctcaaagtta	aaagttaaat	tgtttcagag	tcacagttcc	ctttatttca	2220
cataagccca	aactgataga	cagtaacggt	gtttagtttt	atactatatt	tgtgctattt	2280
aattctttct	attttcacaa	ttattaaatt	gtgtacactt	tcattacttt	taaaaatgta	2340
gaaattcttc	atgaacataa	ctctgctgaa	tgtaaaagag	aatttttttt	caaaaatgct	2400
gttaatgtat	actactgggtg	gttgattgggt	tttatcttat	gtagcttgac	aattcagtga	2460
cttaatatct	attccatttg	tattgtacat	aaaattttct	agaaatacac	ttttttccaa	2520
agtgtgaagt	tgtgaataga	tttttagcatg	atgaaactgt	cataatgggtg	aatgttcaat	2580
ctgtgttaaga	aaacaaacta	aatgtagttg	tcacactaaa	atttaattgg	atattgatga	2640
aatcattggc	ctggcaaaat	aaaacatggt	gaattcccca	aaaaaagaaa	gggaggacgg	2700
gaggggagaa	ggaaggaagg					2720

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

30 gccggccgcc ctttttaacc cccttcctt cctttttttc tgttgctgaa tgatatttta 60
   ttagcttgat aatttgggcc tgcccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
   ttctattcac tgggtgggaa actttcttgt tttaaaaaat gcaattcaag aaagggcatc 180
35 tatttcttgg gggctgagg gacagcaggc ttctcttcac gggatgatgg aatggtgcgc 240
   tcagggccag agacctgttt ccttgggtcca ttcacagtga ggaccccatc agatgacagg 300
   gatgaagtaa tggtagaggg gtctacatca gctgggatcc ggtatttcct gtggaactcc 360
   ctggagatga aacctgttcc atcctggcgc tcttcattgt ttccatgcac ctcaatcaca 420
   tctcccaaca ccttaacttt gagttcctct ggggagaagt gcttcacatc caggttgaca 480
40 gagaacctgt ccttctccag gcgcctctct gagagtccag tgtcaaacca gctgggtgcc 540
   cgcaggaagg aggttggccg aaggtagaag ggactcaggg aagtagacgt cgggaaaaga 600
   tcagactcca acaggtgctc tccgaagaac tggtaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
   ggaaagaagg ggcggcggat ccagggtggg tggatggcga tgtccatggt ggctaggtga 720
45 gtgtgagggg tcagctggcc tggtcagctc cttcagctgc agctacagcc agccccctat 780
   atatgcagtc ttgtgaagct tctggaatgg tgatgtcagg ggttttatta tcctagctca 840
   ccagcagttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata ccagtactc 900
   actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtgact tgtcatggtc 960
   ttgtttcact agctttctgt ccacacccaa tggcaccac cccacccct gttctctgaa 1020
50 gctggtacag agtcag 1036
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

15

accacg	ctgccctccc	ctgcgcactc	ccctcgctgc	ccgggcccgg	agcgagtg	60
ggccgcacag	attcacaaatg	ttgaaagccc	ttttcctaac	tatgctgact	ctggcgctgg	120
tcaagtca	ggacaccgaa	gaaaccatca	cgtacacgca	atgactgac	ggatatgagt	180
gggatcctgt	gagacagcaa	tgcaaagata	ttgatgaatg	tgacattgtc	ccagacgctt	240
gtaaaggtgg	aatgaagtgt	gtcaaccact	atggaggata	cctctgcctt	ccgaaaacag	300
cccagattat	tgtcaataat	gaacagcctc	agcaggaaac	acaaccagca	gaaggaacct	360
caggggcaac	caccgggggt	gtagctgcc	gcagcatggc	aaccagtgg	gtgttgccc	420
gggggtgggtt	tgtggccagt	gctgctgcag	tgcaggcccc	tgaaatgcag	actggccgaa	480
ataactttgt	catccggcgg	aaccagctg	accctcagcg	cattccctcc	aacccttccc	540
accgtatcca	gtgtgcagca	ggctacgagc	aaagtgaaca	caacgtgtgc	caagacatag	600
acgagtgcac	tgaggggacg	cacaactgta	gagcagacca	agtgtgcac	aatttacggg	660
gatacctttgc	atgtcagtgc	cctcctggat	atcagaagcg	aggggagcag	tgcgtagaca	720
tagatgaatg	taccatccct	ccatatggc	accaaagatg	cgtgaataca	ccaggctcat	780
tttattgcc	gtgcagtcct	gggtttcaat	tggcagcaaa	caactatacc	tgcgtagata	840
taaatgaatg	tgatgccagc	aatcaatgtg	ctcagcagtg	ctacaacatt	cttggttcat	900
tcactgtgca	gtgcaatcaa	ggatatgagc	taagcagtga	caggctcaac	tgtgaagaca	960
ttgatgaatg	cagaacctca	agctacctgt	grcaatatca	atgtgtcaat	gaacctggga	1020
aattctcatg	tatgtgcccc	cagggaacc	aagtgtgag	aagtagaaca	tgtcaagata	1080
taaatgagtg	tgagaccaca	aatgaatgcc	gggaggatga	aatgtgttg	aattatcatg	1140
gcggcttccg	ttgttatcca	cgaaatcctt	gtcaagatcc	ctacattcta	acaccagaga	1200
accgatgtgt	ttgccagtc	tcaaattgcc	tgtgccgaga	actgccccag	tcaatagtct	1260
acaaatacat	gagcatccga	tctgatagg	ctgtgccatc	agacatcttc	cagatacagg	1320
ccacaactat	ttatgccaac	accatcaata	cttttcggat	taaatctgga	aatgaaaatg	1380
gagagtctta	cctacgacaa	acaagtcctg	taagtgcac	gcttgtgtc	gtgaagtcac	1440
tatcaggacc	aagagaacat	atcgtggacc	tgagatgct	gacagtcagc	agtataggga	1500
ccttcgcac	aagctctgtg	ttaagattga	caataatagt	ggggccattt	tcatttttagt	1560
cttttctaag	agtcaaccac	aggcattta	gtcagccaaa	gaatattgtt	accttaaagc	1620
actattttat	ttatagatat	atctagtcca	tctacatctc	tatactgtac	actcaccat	1680
aattcaaa	attacaccat	ggtataaagt	gggcatctaa	tatgtaaaga	ttcaaagttt	1740
gtctttatta	ctatatgtaa	attagacatt	aatccactaa	actggctctc	ttcaagagag	1800
ctaagtatac	actatctgg	gaaacttgg	ttctttccta	taaaagtggg	accaagcaat	1860
gatgatcttc	tgtggtgctt	aaggaaactt	actagagctc	cactaacagt	ctcataagga	1920
ggcagccatc	ataaccattg	aatagcatgc	aagggtaaaga	atgagttttt	aactgctttg	1980
taagaaaatg	gaaaagggtca	ataaagatat	atttcttttag	aaaatgggga	tctgccatat	2040
ttgtgttggt	ttttattttc	atatccagcc	taaagggtgt	tgtttattat	atagtaataa	2100
atcattgctg	tacaatatgc	tggtttctgt	agggattttt	taattttgtc	agaaatttta	2160
gattgtgaat	attttgtaaa	aaacagcaag	caaaattttc	cagaattccc	aaaatgaacc	2220
agatatcccc	tagaaaatta	tactattgag	aaatctatgg	ggaggatatg	agaaaataaa	2280
ttccttctaa	accacattgg	aactgacctg	aagaagcaaa	ctcggaaaat	ataataacat	2340
ccctgaattc	aggacttcca	caagatgcag	aacaaaatgg	ataaaaggta	tttacttgga	2400
gaagttttaa	tttctaagta	aaatttaaat	cctaaccact	cactaattta	taactaaaa	2460
ttctcatctt	cgtacttgat	gtccacagag	gaagaaaatg	atgatgggtt	ttattcctgg	2520
catccagagt	gcagtggaac	ttaagcaaat	taccctccta	cccaattcta	tggaatattt	2580
tatacgtctc	cttgtttaaa	atgtcactgc	tttactttga	tgtatcatat	ttttaataaa	2640
aaataaatat	tccttttaga					2659

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

35  tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
    tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttgtt aaagcccatt tcataagagt 120
    gagttggctc tgtgagacca tcaactgata agacacatac agttagcacc acacatttat 180
    aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
    atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
40  gtttttcgga gccagagttc ccagtgcata gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
    gcaccctggg tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaaggg gatgccaaca 420
    acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaatc 480
    acaacattgg tcctactatt tataggcagc atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagt 540
    ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
45  tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
    gatatacatc actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
    tatatttcca tatttatacg tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agtttataaa 780
    tagttgttca ctactcttg attagtgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcattgtac 840
50  tccatctggc tcattgcacg cgatggttta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
    cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgtcta aaatctgtag aagctcacac 960
    aatgcaaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc 1020
    actggaagta caactgaagc atgaccaagg taagcctaaa actgaagagt aactgtcaga 1080
    tattgaatga ttttaaattg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt 1140
55  tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt 1200
    caacacctac ccagagaaca ttattataat ataactctga gacaaaaaag aagggggaga 1260
    gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc 1320
    tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggg agggactgtt taaaacctct 1380
60  gtgtttatca gacctttct tcgtccctct ccaagttaca tgttcctggg tgacgtctgg 1440
    accacattcc aatagcaaga gggaatcatt ctaaaacatc attcactact ctgtgtagat 1500
    gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagtaaagtt 1560
    tgagaaggcc tcagtcaggaa agatccagaa ttccaattaa aataggaggt tctaaccaat 1620
    tataggctat ggcccaatc gccacatgaa ggagccttat tttactctgc gctcaaacaa 1680
65  ttatttcttt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccaactgtctt ttaacggttg 1740
    aggatgtgct atttggccac tatacccat aaattgaatt agccactttt tagtgcttga 1800
    gactgtctcc taaaataact aacaaggta gggctgggat taatattcag gaaaatccac 1860
    ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatgtt ttgtaaaagt tacttctctc acttcattct 1920
  
```


DE 198 13 835 A 1

tcacagaatt	cacatgccgt	tctttgttct	gtagattcgc	ccagtttcag	cctgacttct	1980	
tattcagaga	cttgtcatgg	catttcacaa	ataccgcagg	tgcctttcct	ttctgcaaat	2040	
gagacacttt	ctccctagaa	cagaagatca	cctttttctg	agtctctcct	gcttttactc	2100	
tgatcttctg	aatggcgaag	ccgggactgc	tccaccagtc	tgaccagcta	aagtatgaat	2160	5
cactcttcca	tttgagcttc	aacatgagta	gttctccaa	atctacctct	gtgtaaatta	2220	
ggaaggagta	ggtcttattt	gtggaaactt	caggcagagt	gaatgggatg	ttctcactct	2280	
cggccacggt	gccatacaga	gaaatctcaa	aggcctgatt	ggtatgggtt	tcactctcag	2340	
tcccagaaaa	atgaatcttt	acttggtaat	ggaagacttt	gtagggcatc	tgagaacgag	2400	10
tcttcaggtg	cattttgtctg	cttcttttgg	ctctgacttt	attgatctca	tagcccagat	2460	
tggtgcagcg	gttctttcta	caactcaagc	agagcccttt	ctcaaaggct	tccttggaac	2520	
tgcacctgta	ggccttactt	ggattttctt	cattcaacag	agatgcgatg	aagagatgaa	2580	
tggagcgctc	gtgggagcac	ttcactagct	ggtccacatc	tccaagtcct	ctctctgcaa	2640	
tcacgcggat	agcttctcca	atgttacatc	ctggctgaaa	agtacctcca	ttcgggtaaa	2700	15
tgtcaacatg	cccaactggt	ttctggattc	caatgcttcg	accaggggac	cctctgggtga	2760	
atgtgtgtaa	gacgtctaca	aaatctgcat	catcaggaga	aagacgactc	ggggcttctg	2820	
catactcaaa	gttaggtcca	gctggatcga	ggccagtaat	tctgttgaa	tttcttattg	2880	
gtcagacttc	ctgcaatgcc	agcagcatgg	gctccaaggc	tgtatcccaa	gagatggac	2939	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1292 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcatcgccat	gacgccgccc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacggtgt	60	55
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120	
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180	
tccccagaa	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240	
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcc	ccagctggac	aacctcagcc	300	60
accacttcct	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgctgacg	gccatccaca	360	
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgag	420	
gccccacctt	tcagtccgtg	tttaagtgt	tctcccgggg	gcaggggtggg	gagggagcct	480	
cgggtggggt	gggagcgggg	gggacagtgc	ccggggaacc	cggtgggtca	cacacacgca	540	
ctgcgctgt	cagtagtgga	cattgtaatc	cagtcggctt	gttcttgacg	cattcccgc	600	65
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660	
ccatttagat	taggaaggtt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720	
ggaggtgaca	aaccatttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggatttg	780	

DE 198 13 835 A 1

```

gcggaaagtg agagccagca gcaaaaacta cattttgcaa cttgttggtg tggatctatt 840
ggctgatcta tgcctttcaa ctagaaaatt ctaatgattg gcaagtcacg ttgttttcag 900
gtccagagta gtttctttct gtctgtctta aatggaaaca gactcatacc acacttacaa 960
5 ttaaggtcaa gcccagaaaag tgataagtgc agggaggaaa agtgcaagtc cattatgtaa 1020
tagtgacagc aaagggacca ggggagaggc attgccttc- ctgcccacag tctttccgtg 1080
tgattgtctt tgaatctgaa tcagccagtc tcagatgccc caaagtttcg gttcctatga 1140
gcccggggca tgatctgac cccaagacat gtggaggggc agcctgtgcc tgcctttctg 1200
tcagaaaaag gaaaccacag tgagcctgag agagacggcg attttcgggc tgagaaggca 1260
10 gtagttttca aaacacatag ttaaaaaaga aacaaatgaa aaaaatttta gaacagtcca 1320
gcaaattgct agtcagggtg aattgtgaaa ttgggtgaag agcttaggat tctaattctca 1380
tgttttttcc ttttcacat- tttaaaagaa caatgacaaa caccactta tttttcaagg 1440
ttttaaaaca gtctacattg agcatttgaa aggtgtgcta gaacaaggtc tcctgatccg 1500
tccgaggctg cttcccagag gagcagctct ccccgaggat ttgccaaggg aggcggattt 1560
15 cccgtgtagt gtagctgtgt ggctttcctt cctgaagagt ccgtgtgtgc cctagaacct 1620
aacaccccc tgcacaaactc acagagcttt ccgttttttt ctttcctgta aagaaacatt 1680
tcctttgaac ttgattgcct atggatcaaa gaaattcaga acagcctgcc tgtcccccg 1740
cactttttac atatatattgt ttcatttctg cagatggaaa gttgacatgg gtggggtgtc 1800
20 cccatccagc gagagagttt caaaagcaaa acatctctgc agtttttccc aagtacctg 1860
agatacttcc caaagccctt atgtttaatc agcgatgtat ataagccagt tcacttagac 1920
aactttaccc ttcttgtcca atgtacagga agtagttcta aaaaaaatgc atattaattt 1980
cttcccccaa agccgattc ttaattctct gcaacacttt gaggacattt atgattgtcc 2040
ctctgggcca atgcttatac ccagtgagga tgctgcagt aggtgtgaaa gtggccccc 2100
25 gcggccctag cctgaccggg aggaaggat ggtagattct gttactctt gaagactcca 2160
gtatgaaaat cagcatgcc gcctagttac ctaccgaga gttatcctga taaattaacc 2220
tctcacagt agtgatcctg tccttttaac accttttttg tggggtctc tctgacctt 2280
catcgtaaag tgctggggac cttaaagtgt ttgcctgtaa ttttgatga ttaaaaaatg 2340
30 tgtatatata ttagctaatt agaaatattc tacttctctg ttgtcaaaact gaaattcaga 2400
gcaagttccc gagtgcgtgg atctgggtct tagttctggt tgattcactc aagagttcag 2460
tgctcatagc tttctgctca ttttgacaaa gtgcctcatg caaccggggc ctctctctgc 2520
ggcagagtcc ttagtgaggg ggtttacctg gaacattagt agttaccaca gaatacggaa 2580
gagcaggtga ctgtgctgtg cagctctcta aatgggaatt ctgagtagg aagcaacagc 2640
35 ttcagaaaga gctcaaaata aattggaaat gtgaatcgca gctgtgggtt ttaccaccgt 2700
ctgtctcaga gtcccaggac cttgagtgte attagttact ttattgaagg ttttagacct 2760
atagcagctt tgtctctgtc acatcagcaa tttcagaacc aaaaggagg ctctctgtag 2820
gcacagagct gcacatcac gagcctttgt ttttctccac aaagtatcta acaaaaccaa 2880
tggtgcagact gattggcctg gtcatttggt tccgagagag gaggtttgcc tgtgatttcc 2940
40 taattatcgc tagggccaag gtgggatttg taaagcttta caataatcat tctggataga 3000
gtcctgggag gtccttgga gaactcagtt aaatctttga agaataattg tagttatctt 3060
agaagatagc atgggagggt aggattccaa aaacatttta tttttaaaat atcctgtgta 3120
acacttggct cttggtacct gtgggttagc atcaagttct ccccgaggta gaattcaatc 3180
agagc-ccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaacctaaaa 3240
45 tctgttttcc tcactcagact ctgagtaact ggttgctgtg tcataacttc atagatgcag 3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataataact 3360
ggcctgtctg acctgttgcc agcagataga caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct 3420
agtttcttcc tgtagtact ctcttttaga tctaagtct ctacaaaag cttgaatac 3480
50 tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgtgtttt tttaactgca ttttaccaga 3540
tgttttgatg ttatcgctta tgtaaatagt aattcccgtg cggttcatt ttattttcat 3600
gctttttcag ccatgtatca atattcactt gactaaaaac ac- caattaa tcaataaaaa 3660
aaaaaaaaaa 3670

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

20

ctttaaccag	ttatttacag	tgtgctcatt	cgttcagaaa	ttagatacaa	aatctcaaga	60	
cctgttacta	ctgattttat	taaaccagag	tctttaattc	ttgcatgttt	gtatctaatt	120	
tctgaacgaa	tgagcacact	ttaaccagtt	atttacagtt	acctttttcc	tttaaccgga	180	25
ttgtgaaagc	ttcatgtatt	ttattttaga	ttctgtgttt	tttaagggttc	tgagcatgaa	240	
gctggcagat	agtcggcagg	actcatcttt	tcacatcggc	tggtcgattt	ctccatagat	300	
tgataacagt	atcttggtat	cttgcttctc	tgtagttttg	catcagctgt	tttaacttga	360	
gctgagttag	gggagagggg	ttaaagagaa	gaaacttaag	ttttctttca	cagaactcca	420	30
ccattgtggg	ctttgagaga	gccctaaaag	attgtacctt	gtggtacctt	gtgacttcca	480	
accaaagcct	ttgagtatgc	actaaatagg	tgagaagaaa	ggagagaagg	tttttagggt	540	
agaaaccttt	aaccgataga	aggatatggt	atggttgtaa	gctggaacca	agtttgcat	600	
tttgagggct	tgagatgaag	ggaagactct	taccagatag	taagacagct	gagttttcct	660	
cagttttctc	gtcttaacac	tagtggaaca	ttctagcatt	ttgtttggag	gatttcagag	720	35
tttaacctcat	ggaattcagg	atcttttagc	aagtttgctt	ttggttttat	cttggtcttt	780	
agtaatcatg	ttggctgggc	tggtcacagg	tgactgtgaa	acagatgcc	tggtcttgct	840	
ttcatcactc	taggatcatg	aagtgttatg	ctatttcctg	gttatgaata	tttaagggttg	900	
aattacattt	ttattgattg	tttgatcag	agtcagttc	ctgtagaaaa	cgaactgtaa	960	40
aagaccatgc	aagaggcaaa	ataaaacttg	aagtgaatgc	taaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1020	
aaaaa						1025	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1219 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  cttagatgtg gctctttggg gagataattt tgtccagaga cctttctaac gtattcatgc 60
    cttgtatttg tacagcatta atctggtaat tgattatttt aatgtaacct tgctaaagga 120
    gtgatttcta tttcctttct taaagaggag gaacaagaag atgaggaaga aatcgatgtt 180
    gtttctgtgg aaaagaggca ggctcctggc aaaaggctag agtctggatc accttctgct 240
    ggaggccaca gcaaacctcc tcacagccca ctggctctca agagggtgcca cgtctccaca 300
15  catcagcaca actacgcagc gcctccctcc actcggaagg actatcctgc tgccaagagg 360
    gtcaagttag acagtgtcag agtcttgaga cagatcagca acaaccgaaa atgcaccagc 420
    cccaggctct cggacaccga ggagaatgtc aagaggcgaa cacacaacgt cttggagcgc 480
    cagaggagga acgagctaaa acggagcttt tttgccttgc gtgaccagat cccggagtgt 540
20  gaaaacaatg aaaaggcccc caaggtagtt atccttaaaa aagccacagc atacatcctg 600
    tccgtccaag cagaggagca aaagctcatt tctgaagagg acttggtgcg gaaacgacga 660
    gaacagttga aacacaaact tgaacagcta cggaactctt gtgcgtaagg aaaagtaagg 720
    aaaacgattc cttctaacag aatgtcctg agcaatcacc tatgaacttg tttcaaatgc 780
    atgatcaaat gcaacctcac aaccttggct gagtcttgag actgaaagat ttagccataa 840
25  tgtaaaactgc ctcaaatagg actttgggca taaaagaact tttttatgct taccatcttt 900
    tttttttctt taacagattt gtatttaaga attgttttta aaaaatttta agatttacac 960
    aatgtttctc tgtaaatatt gccattaaat gtaataaact ttaataaaac gtttatagca 1020
    gttacacaga atttcaatcc tagtatatag tacctagtat tataggtact ataaacccta 1080
    atttttttta ttttaagtaca ttttgctttt taaagttgat ttttttctat tgtttttaga 1140
30  aaaaataaaa taactggcaa atatatcatt gagccaaaaa gaaaaaagaa gaaaaaaaag 1200
    gaagaaaagg gagggggggg
  
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
  
```

cggattgctc	aaggacccat	gggagagagg	agggctttgac	tgggctgcct	gcctgtgagg	120	
tctctggact	agagggtccaa	cgcagtccag	ctgacaagga	tgggaatacgc	catgaagtcc	180	
cttagccttc	tctaccccaa	gtccctctcc	aggcatgtgt	cagtgcgtac	ctctgtggtg	240	5
acccagcagc	tgtgtgcgga	gccagcccc	aaggcccca	gggcccgcc	ctgccgcgta	300	
agcacggcgg	atcgaagcgt	gaggaagggc	atcatggctt	acagtcttga	ggacctcctc	360	
ctcaagggtcc	gggacactct	gatgctggca	gacaagccct	tcttcctggt	gctggaggaa	420	
gatggcacia	ctgtagagac	agaagagtac	ttccaagccc	tggcagggga	tacagtgttc	480	
atggctcctcc	agaaggggca	gaaatggcag	cccccatcag	aacaggggac	aaggcacc	538	10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gtctagggcg	gccgccgctg	cgectgctgc	tctctgcegt	ccgcgctgca	gtgcgaaggg	60	45
ctcgaagatg	gccggttgcc	agagctacgt	ggataacctg	atgtgcatg	gctgctgcc	120	
ggaggccgcc	attgtcggct	actgcgacgc	caaatacgtc	tgggcagcca	cggccggggg	180	
cgtctttcag	agcattacgc	caatagaaat	agatatgatt	gtaggaaaag	accgggaagg	240	
ttcttttacc	aacggtttga	ctcttgccgc	gaagaaatgc	tcagtgatca	gagatagtct	300	50
atacgtcgat	ggtgactgca	caatggacat	ccggacaaag	agtcaagggtg	gggagccaac	360	
atacaatgtg	gctgtcggca	gagctggtag	agcattgggtt	atagtcattg	gaaaggaagg	420	
tgtccacgga	ggcacactta	acaagaaagc	atatgaactc	gctttatacc	tgaggagggtc	480	
tgatgtgtaa	gcagcctctc	cccatctacc	tagcaactgt	cttcatcaac	aaccttaatt	540	
atggtcacaa	tgtaccacaa	ctgtagatgg	tagctaattt	ttctttacct	attttctaatt	600	55
gtcatgatcc	ctgtttgccc	aatggatcat	ttgtatgtta	accactgtat	gtaaccaacc	660	
cttatctggc	aacataattg	cagcacataa	atgatttgca	tgataccttg	aaattggggg	720	
gagggggcat	gccaaagtgg	gcataccttt	gtcttagcaa	ttaatgggat	attgattact	780	
aaaataagtt	aatattaagc	aagggtccgg	ttgtacaatc	tctgatcagt	gtcttttcag	840	60
cactttgagc	atttacttgg	ctcatttagt	cttccttttg	tagcgcatgg	ttgggaggaa	900	
aaagtgcattg	catcattccc	tactctttct	ctttttcccg	ccccccctc	ccttcgcaca	960	
taggcatttg	gtttgcttcc	atcttttttt	atgcagtggc	tgtttttttt	taaccaatta	1020	
aaatcccttt	gtttgatgag	ctattgagag	ctgcagttagt	ttgcttttag	tattgttgtt	1080	
gcacttgagc	agagacaaac	ctttattcat	agtgtctaca	ggacatatga	agagtgaat	1140	65
ggcaaaaacaa	gagcaaaaag	cacttcctcc	catgacctta	cagtaaccat	actgattgaa	1200	
tccccagggg	cattccatca	ttgcaatagc	tcagattttt	cttccttttt	ctttgcacac	1260	
cagctctact	ctttagtaaa	attgtaaaaag	gtgccatta	tggacattag	gtatcccaac	1320	

DE 198 13 835 A 1

ataaccatct ggagtgtgtc cagtttgttc ttcataaggac caatttttat ttgcagcttg 1380
 agtttttata tgaagttgca ttattgtgga ctgggtgtc ttgtgatgaa tttttttcat 1440
 atgtattctg tgccatacta ttgttaaaat gaactgttgc tattgtgaga tggattttaa 1500
 5 ctgacctatt aagggtttct ttcgaatggc actactttag ggacattcta gtatttgctt 1560
 ctattgtttg ggccttgtgg ataatgtaca gatttaaaaa caaatcttgt tgctgatttg 1620
 tccatttctt tccctgcact ttgttacatc tgggatacag tctaactcat ctgatttaat 1680
 atgcatttaa aaaaatgcc aactatttaa acaccttgtt tacagacaga tgaaataaat 1740
 10 ttattccaac caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagag 1776

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 360 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
 attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
 50 aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt tcagaaagga gtagaatata aacacataat 180
 tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
 agtaggttga ggacaggaga ggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
 attttgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaaacagg 360

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctcgcg	cccacaccct	ctcctgtcca	gcctcgcgcc	gcctgggcag	ggcccggcgc	60	20
cgtccgtgga	tgagccacag	aacctcttcc	acctcccgag	cggagagaag	tttccattcc	120	
tcttctctct	cctcctccgc	tgccacctcc	tctcggcct	cccgtgctct	cccggcccag	180	
gacccgcccc	tggagaaggc	cctgagcatg	ttttccgatg	actttggcag	cttcatgcgg	240	
ccccactcgg	agccctcggc	cttcccagcc	cgcctcggtg	gggcaggcaa	catcaagacc	300	25
ctaggagacg	cctatgagtt	tgccgtggac	gtgagagact	tctcacctga	agacatcatt	360	
gtcaccacct	ccaacaacca	catcgagggt	cgggctgaga	agctggcggc	tgacggcacc	420	
gtcatgaaca	ccttcgctca	caagtgccag	ctgcccggag	acgtggaccc	gacgtcgggt	480	
acctcggctc	tgccgggagga	cggcagcctc	actatccggg	cacggcgtca	cccgcataca	540	
gaacacgtcc	agcagacctt	ccggacggag	atcaaatct	gagtgcctct	cccttcctct	600	30
tcctgtgccc	ccccgcccc	cgcctgccag	caaagcctcg	ctaaccctat	tacaacagct	660	
ccaggacatc	tcagcccagg	ttctagcccc	cacgcacccc	agaccccagg	tggaacctcc	720	
tcccaaaacta	ggccctccca	ctctatccag	ggcaggccag	ggactccctg	gcctgacaca	780	
tgatgcccag	atttcagatt	tgccctccgt	cacttaatcc	agagtacagg	ggctgggggtc	840	
agggaaaggaa	gatctaaaga	accactgtg	ggtcagggga	atgggaccag	caggacatat	900	35
ggccaagctc	tgccaggacag	acaggcagac	aaacctctg	atctatgaag	tctctgcagg	960	
gcaaggggac	cagggacctg	gaacctctct	ggccaagggg	agtgggagag	acagagggaa	1020	
ggtcacaggc	aagggtgcct	atctaagtgg	aactaatgc	ccgagggtc	agcaaggcca	1080	
agaggagaca	gccgtgacgg	taaacttccc	ctctaccagc	ctccaagccc	cacgccagcg	1140	40
agcaggctgc	ctgcccaccc	cgtgccccca	gccagctggc	tgtgccaggg	cagagccatg	1200	
ccacatctgt	atatagatgg	ggtttttcca	atacagctgg	ttcgtgataa	actgcatgaa	1260	
actcctgcgc	tcctgcgcct	gctggggcct	ccaggcaagg	ccacgtgggg	ttgggggtgg	1320	
ggctggctct	tctccctccc	acaggcctgt	gttcttgggg	ctgctcccat	gcagacagga	1380	
tcaccttaaca	gagatggaag	ccagggcctg	gatggggcct	tgggtcctcg	aggttggacc	1440	45
ccagcttctt	gccaccttcc	cctccgggca	gtcagctctc	catccatccc	cctctttaat	1500	
ctatgaatct	ataggctcgg	tgtgtgtaac	acacacaccc	ctatcgttgt	ccttcaaata	1560	
ctcagcatta	ccattggttg	aggccaaatt	cagagctttc	tcaaatacaga	tttacaatct	1620	
ccaatttcat	taacggggaa	acatccccga	gccactgagt	gctgtgctt	gtcactgaag	1680	
gttagatctg	aacccagggt	gtcaacagct	gctctcaact	ccccacctct	gggcactgag	1740	50
gagtatttcc	cctcattcta	cctctctaag	gctatgcacc	cctccccacg	tctccagct	1800	
gggggatggg	gggagtcata	ggaaaagccc	ccatctccca	tctgggatag	ggaccttcca	1860	
tcagccttaa	ccctgggaaa	tgctgtctgc	ccccagtgac	tcttggtttc	gtctccaca	1920	
tacagaagca	gggtggaggg	gaagggtggg	tctcagttag	caggggtccc	cagggcaagt	1980	
cagcctctct	cctccatgcc	tctctggtca	gtgtgcctta	gggtggcctc	tcaactccac	2040	55
cactctgggc	cccttggggg	aggactgggg	agggggccgt	gggagagccc	tgacgttgga	2100	
acctgtatag	acaataaagg	acagtctcac	agacaaaagg	aggccgcctg	ccggagtctt	2160	
caaacttagg	gcagggcctt	acttgagaga	aa			2192	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgcggatgc	cgcccgccag	cagcatcatg	gctcacgggc	ccggcgcgct	gatgctcaag	60
tgcgtggtgg	tcggcgacgg	ggcgggtggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgccttcc	cggaggagta	cgtgccacc	gtcttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agcagtacct	cctaggactc	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgaggc	ctttatctta	cccaatgacc	gatgtcttcc	ttatatgctt	ctcgggtgta	300
aatccagcct	cattttcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaacttaa	ggaatacgca	360
ccaaatgtac	cctttttatt	aataggaact	cagattgatc	tccgagatga	ccccaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaa	cctatatgtg	tggaacaagg	acagaaaacta	480
gcaaaagaga	taggagcatg	ctgctatgtg	gaatgttcag	ctttaaccca	gaagggattg	540
aagactgttt	ttgatgaggc	tatcatagcc	attttaactc	caaagaaaca	cactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaatagaa	tgctacagct	ataccagac	720
cttttatagg	taatgaagca	gttcaaaact	tgaagaaaaa	caaaacctgt	cctcagaatt	780
ctataaagtg	tattaagaat	gttccttaaa	ggtttaagaa	gcagtaagca	gcatctgaag	840
ccacaatcta	ttataaatac	tttattttcaa	ctagaaggta	caatctctca	gggggttcat	900
agtttaaaaa	gctacaatca	catcatgttg	taactacgta	aaaaacagag	ctgtâaatgg	960
aactgcttgg	ctttgaccat	acacatttct	gcccagccct	tacagaatct	gcacaaagaa	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattgttct	tgtatgtaag	ttgctttcta	ttccagtata	1080
tccagatggg	tgaataaaca	aggccagcca	cgtagccaaa	ggcgcgtcca	agcgtacagg	1140
agatgggcca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gttttattat	1200
tacttgagca	caagtgtaac	ctaaatattt	ctatatataa	gcttaatgtg	ctttcttaaa	1260
gaatgccaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gcatttatca	tgaacactaa	aaatgtacac	1320
atttttagtta	atgtgcatta	aactgtaaca	aggcttcttg	caattgtaga	tttagtttga	1380
cgctccccaa	agtgcataag	acacatgcta	aaattacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgccataat	gatagactca	atttagctct	ctgaactagc	tggtaatttt	ttttttttaa	1500
ttcccacttt	ggctgigtac	atcaaatgaa	atgagaagtg	tgtatgctga	ccaaccaca	1560
agaaactttc	tttaagttgt	gttaaagagg	aaagacctag	aatccaagcg	tgttacatga	1620
aaattgtaac	agagcagctg	cttccacctt	tcagatatag	atgttggaac	cacagcagaa	1680
gttatagagc	gacaacttat	atacacacct	agaatgtaag	ttaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	ttttctccag	ccatattaca	tcaggctaga	agtaattaat	gttgatttat	1800
ttcatctaca	agcagtgggt	ccctaagtga	aaggctctgc	ttgaaaaaaa	aaagaaaaaa	1860
aagttggagg	aaaaatttca	tgttcttctg	tgaagcttat	ttggtacact	ggagccattt	1920
ctaacttttc	tctgggggga	acaggccaca	gaactgtgtt	agaggtgaac	catcttaatt	1980
actagttcta	ttaccttaatt	cagcttccct	gtttggtctg	ctgtggatct	gccttattgc	2040
atatgccatg	catcagataa	tggatgcata	agataatggt	gttagacaaa	gcttcattgt	2100
gaacaacctta	atgcatttta	gagaaacaat	ctcatcacat	ttttcttagc	ctttcttaca	2160
tttaaaacttg	ctgttgccca	aattataatt	ttttaaatgt	ctttggtggg	cttctgttaa	2220
ttcacatgac	ttgagcttat	agctatgtct	actgcacaga	ttgggtaatg	gaacactaaa	2280

cttttatact	tgaaaatgac	agccttaa	at	gtccatata	gtcacaaatc	taggatgtac	2340
tgctctgttg	tatgtgagct	ttgtagagat	ttttaaaaat	ataagcatca	ccttcccatt		2400
gaagagtgga	gagagtctac	tggatgactg	gccaggaact	ttctctctga	atcgacatt		2460
tggatgtctt	ctttcttcca	agaaatggtg	gttcacatta	aagtatcatg	gccttatgta		2520
tgctcaa	atg	gaatcttatg	taactttctt	atttaatttt	ggtctgctta	tttttagata	2580
aaattgaaag	gaattgtata	aatcaattaa	catattagct	gagttgtcca	acacatggta		2640
taaacgaatt	acaacagtaa	actattacac	atttccaact	tgcctttggg	gatttatgag		2700
gatttttttt	ggtgggggga	gggggtcca	attcatatct	ctgaaacct	tcacacttgg		2760
tttactaatt	caaagttaga	agtctagaat	ttgccctgcc	ctaacagaaa	cagattagga		2820
atttgtctac	acaaactggt	gtcacctgtt	tcttgactgg	gatttgggtt	cctcattata		2880
aatatgggag	gtagaacaga	gatctccaac	gtctctccca	tttatcacag	taattttctt		2940
attcacagta	at						2952

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 615 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gcaaggatgg	tctcaatctc	gacctcgtga	tccgccacc	ttggcctccc	aaagtgttgg	60
gattacaggc	gtgactcacc	atgccagcc	acttagtttt	ttcttattcc	cacctttcta	120
tcccatagaa	cactcttttt	tatcttcctt	gaaccatatt	gatgagataa	atagggtgg	180
gggctgggcc	ccgctggtoa	ctcaacagag	tatttccctt	ggccgagatg	gaagttttgt	240
cccaatagat	gagctgctga	gtatcaacaa	ggtgacattt	ttctgctgcc	catttgtgtc	300
ctggagacgg	tgtaccctg	aaggcagagg	ccagctgccg	caagacagca	atgacagtcc	360
acctgccgac	ctgattcctg	catcatggaa	taaccacatg	gctaccttct	atcctctgtt	420
cccaa	atggt	ggtggcactt	atcctgaagt	cgtcaatgat	ttccctttga	480
ttttactaat	ttaaaactatt	ttgtactgat	gtagccctga	ggtagtcat	gaaaatgctg	540
tgcactcatt	ccatggaata	aatgttgga	agctgatctt	ttctgatata	aaatgttgaa	600
tgataaaaaa	aaaaa					615

50

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

30 ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgc ggaacatttc acaaacttac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
35 acatcacaaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtcc catcaaatgt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaaccoga acccaccacac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tgggactatc cagatcttgc gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccctc tctccaaatt ttaccacagt gacttctaca 480
40 ctgttgaact ctgcttacc attcatagga cccttttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gtttaaccaag cttttggtgc atagcagcct ggttgggaagc 600
attctgagtg ctctgtctgc cctggtgggt ttcatatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaatcctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact ttatcatga ttcaacttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
45 ctggctggaa ctctctctct gatgctgatc tgcactctgc tgggaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggt gagtgtgctg 900
gccggcttca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggt agaaggaaca accagccaat cagcagatac acatgggagg gcatttgcat 1020
50 tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt 1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc 1140
agcgaaggga atgagactct gggaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt 1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtaa agggcattta cacacgtaac 1320
55 tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgcccttg tgatcttaaa attcgtttgc 1380
cttttttaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaaggg agtgagaggt 1440
gggggtggggg gggggaggag ggggggccgt ttaggggggg ccgggttt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt	60	
atthttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgtat tccagtcaat catgtcgagt	120	
cactggactc tgaatatcct attggttcct ttattttatt tgagtttaga gttcccttct	180	
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg ggttatcact tttcctccag ggtagatca	240	
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctccacc aaggatcaga tactggagcc	300	
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc	360	30
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc	420	
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgacct gatagtagca tgthttctgtt	480	
tctgatgtac cttttttctc ttcctctttg catcagccaa ttcccagaat ttcccaggc	540	
aattttgtaga ggaccttttt ggggtcctat atgagccatg tcctcaaagc ttttaaacct	600	
ccttgctctc ctacaatat cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag	660	35
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa	720	
agttttcaaa ttgtactaat aggtctgggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggagggt	780	
aagctgcttt ctatgctctc ccagtgagg catggagggt tttctgaatt ttgtctacct	840	
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggct aaaaaatgat ggcccttga gctctttgta	900	40
agaaaggtag atgaaatata ggatgtaata tgaaaaaag ataaaatgtg acttcccctg	960	
ctctgtgcag cagtctgggt ggatgctctg tggccttctt tgggtcctca tgccacccca	1020	
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggatcc	1080	
aggcaaacct cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc	1140	
ctgcttttaa gtaggtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgta aatttctaata	1200	45
ttatcactgt acaaaagaaa ccccttgcta ttttaatttg tattaagga aaataaagtt	1260	
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa	1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggctcga gctaattttt aagtcctcgat tggaaatcag tgagtagggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagttttgg aagtaaatc tagttttag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaatttga ccctggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgtacaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg tttccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaaactctt 480
caatataagc tatgaagtaa tagttggttg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt atttccaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc ccccaattac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagtgggaa gtaegaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgtag ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaaga ttaaatcttg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgcctataat ttgcagtag ccacagatta agattatatac ttatatatca gcagattagc 1080
tttagcttag ggggagggtg ggaaagtgtg gggggggggt tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc tttaataaag acttgtctta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaag acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat cttcctttac ccctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgcctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttaagtc cttgttccta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatcttttaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tactttggtg tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaagt tagtgccttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgttaagtat tcatattaaa tacaagcctt ctatatggaa 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcataaagt ggtggcaata ttcagtgtt aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgct cagggtgatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt tttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear.

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54 25

accagcaagc	aaccggccga	agtctggaag	ggcgccggag	ccccgcgaac	cgccccgacg	60
gagcgcagga	ggttccccgc	cgccgcgcgc	ttggccccga	gttcctgcag	ccgcagccgg	120
cacggaggga	gccagccccg	accttgcccc	gctgcggccc	gcggctcccc	gccaaacccc	180
cctcaggaaa	gagggtttta	aatcaaagat	gggaaaatcg	gagaaaattg	cccttcccca	240
tggccagctt	gttcatggta	tacacttgta	tgagcaacca	aagataaaca	gacagaaaag	300
caaataaac	ttgccactaa	ccaagatcac	ctctgcaaaa	agaaatgaaa	acaacttttg	360
gcaggattct	gtttcatctg	acagaattca	gaagcaggaa	aaaaagcctt	ttaaaaatac	420
cgagaacatt	aaaaattcgc	atttgaagaa	atcagcattt	ctaactgaag	tgagccaaaa	480
ggaaaattat	gctggggcaa	agtttagtga	tccaccttct	cctagtgttc	ttccaaagcc	540
tcctagtcc	tggtgggaa	gcactgttga	aaattccaac	caaaacaggg	agctgatggc	600
agtaacttta	aaaacgctcc	tcaaagttca	aacttagatt	tcagatttca	gtatgtgtgt	660
aaaacataat	ttttcccata	tccctggact	cttgagaaaa	ttggtacaga	aatggaaatt	720
tgccttggtg	caacatacaa	ttgcaaaaga	tgagttaaaa	aaattacata	caaacagctt	780
gtattatatt	ttataatttg	taaatactgt	ataccatgta	ttatgtgtat	attgttcata	840
cttgagaggt	atattatagt	tttgttatga	aagtatgtat	tttgccctgc	ccacattgca	900
ggtgttttgt	atatatacaa	tgataaatt	ttaagtgtgt	gctaaggcac	atggaagacc	960
gattttat	gcacaaggta	ctgagatttt	tttcaagaaa	cagctgtcaa	atctcaaggt	1020
gaagatctaa	atgtgaacag	tttactaatg	cactactgaa	gtttaaatct	gtggcacaa	1080
caatgtaagc	atgggggttg	ttctctctaa	ttgatttgta	atctgaaatt	actgaacaac	1140
tcctattccc	atttttgcta	aactcaattt	ctgggttttg	tatatatcca	ttccagctta	1200
atgcctctaa	ttttaatgcc	aacaaaatcg	gttgtaatca	aattttaaaa	taataataat	1260
ttggccccc	ctttttaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a		1301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55: 55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2036 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel 60

(D) TOPOLOGIE: linear.

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

cggtcagtg gccctgagac catagctctg ctctcggtcc gctcgctgtc cgctagcccg      60
ctgcgatgtt gcgcgctgcc gcccgcttcg ggccccgcct gggccgcccgc ctcttgctcag    120
ccgccgccac ccaggccgtg cctgccccca accagcagcc cgaggtcttc tgcaaccaga      180
ttttcataaa caatgaatgg cacgatgccg tcagcaggaa aacattcccc accgtcaatc      240
cgccactgag agaggtcatc tgtcaggtag ctgaagggga caaggaagat gtggacaagg      300
cagtgaaggc cgcccggggc gccttcacgc tgggtccacc ttggcgccgc atggacgcat      360
cacacagggg ccggtgctg aaccgcctgg ccgatctgat cgagcgggac cggacctacc      420
25 tggcggcctt ggagaccctg gacaatggca agccctatgt catctcctac ctggtggatt      480
tggacatggt cctcaaagt ctccggtatt atgccggctg ggctgataag taccacggga      540
aaaccatccc cattgacgga gacttcttca gctacacacg ccatgaacct gtgggggtgt      600
gcgggcagat cattccgtgg aatttccgcg tctgatgca agcatggaag ctgggccag      660
30 ccttggcaac tggaaacgtg gttgtgatga aggtagctga gcagacaccc ctcaccgcc      720
tctatgtggc caacctgac aaggaggctg gctttcccc tgggtgtgtc aacattgtgc      780
ctggatttgg cccacggct ggggcccga ttgcctcca tgaggatgtg gacaaagtgg      840
cattcacagg ctccactgag attggccgcg taatccaggt tgctgctggg agcagcaacc      900
tcaagagagt gacctggag ctgggggga agagcccaa catcatcatg tcagatgccg      960
35 atatggattg ggccgtggaa caggccact tcgccctgtt cttcaaccag ggccagtgt      1020
gctgtgccgg ctcccggacc ttctgtcagg aggacatcta tgatgagttt gtggagcgg      1080
gggttggccg ggccaagtct cgggtggtcg ggaaccctt tgatagcaag accgagcagg      1140
ggccgcaagt ggatgaaact cagttaaga agatcctcgg ctacatcaac acggggaagc      1200
40 aagagggggc gaagtgtgt gtggtgggg cattgtgct gacctgtgtt acttcatcca      1260
gccactgtg tttggagatg tgcaggatgg catgaccatc gccaaaggagg agatcttcgg      1320
gccagtgtg cagatcctga agttcaagac catagaggag gttgttggga gagccaacaa      1380
ttccacgtac gggctggccg cagctgtctt cacaaggat ttggacaagg ccaattacct      1440
gtcccaggcc ctccaggcgg gcactgtgtg ggtcaactgc tatgatgtgt ttggagcca      1500
45 gtcacctttt ggtggctaca agatgtcggg gagtggccgg gagtggggcg agtacgggct      1560
gcaggcatac actgaagtga aaactgtcac agtcaaagt cctcagaaga actcataaga      1620
atcatgcaag ctctcctcct cagccattga tggaaagttc agcaagatca gcaacaaac      1680
caagaaaaat gatccttgcg tgctgaatat ctgaaaagag aaatttttcc taaaaaatct      1740
50 cttgggtcaa gaaagtctta gaatttgaat tgataaacat ggtgggttgg ctgagggtaa      1800
gagtatatga ggaacctttt aaacgacaac aatactgcta gctttcagga tgatttttaa      1860
aaaaatagatt caaatgtgtt atcctctctc tgaacgctt cctataactc gagtttatag      1920
gggaagaaaa agctattgtt tacaattata tcaccattaa ggcaactgct acaccctgct      1980
ttgtattctg ggctaagatt cattaaaaac tagctgtctt taacaaaaaa aaagaa      2036

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20

ccacgtagcc	togtgccgct	gcgtgcagct	tctgtctccc	tgtttttcta	atcaaggggt	60	
taggactttg	ctatctctga	gatgtctgct	acttgctgca	aattctgcag	ctgtctgctg	120	
ctctaaagag	tacagtgcac	tagagggaag	tggtcccttt	aaaaataaga	acaactgtcc	180	25
tggtcggaga	atctcacaag	cggaccagag	atctttttaa	atccctgcta	ctgtcccttc	240	
tcacaggcat	tcacagaacc	cttctgattc	gtaaggggta	cgaaactcat	gttcttctcc	300	
agtcccctgt	ggtttctggt	ggagcataag	gtttccagta	agcgggaggg	cagatccaac	360	
tcagaaccat	gcagataagg	agcctctggc	aaatgggtgc	tcatcagaac	gcgtggattc	420	30
tctttcatgg	cagaatgctc	ttggactcgg	ttctccagge	ctgattcccc	gactccatcc	480	
tttttcaggg	gttattttaa	aatctgcctt	agattctata	gtgaagacaa	gcatttcaag	540	
aaagagttac	ctggatcagc	catgctcagc	tgtgacgcct	gaataactgt	ctactttatc	600	
ttcactgaac	cactcactct	gtgtaaaggc	caacagattt	ttaatgtggt	ttcatatca	660	
aaagatcatg	ttgggattaa	cttgcccttt	tccccaaaaa	ataaactctc	aggcaagcat	720	35
ttctttaaag	ctattaaagg	agtataact	tgagtactta	ttgaaatgga	cagtaataag	780	
caaatgttct	tataatgcta	cctgatttct	atgaaatgtg	tttgacaagc	caaaattcta	840	
ggatgtagaa	atctggaaag	ttcatttcct	gggattcact	tctccaggga	ttttttaaag	900	
ttaatttggg	aaattaacag	cagttcactt	tattgtgagt	ctttgccaca	tttgactgaa	960	40
ttgagctgtc	atttgtacat	ttaaagcagc	tgttttgggg	tctgtgagag	tacatgtatt	1020	
atatacaagc	acaacagggc	ttgcactaaa	gaattgtcat	tgtataaaca	ctacttggtg	1080	
gcctaacttc	atatatgtat	tcttaattgc	acaaaaagtc	aataatttgt	caccttgggg	1140	
ttttgaatgt	ttgctttaag	tggtggctat	ttctatgttt	tataaaccac	aacaaaattt	1200	
ccaaaaacaa	tgaaggaaac	caaaaataat	atttctgcac	ttcaaataaa	aaaaaaaaaa	1260	45
aaaaaa						1265	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

15 attgcgagtt ttttggttg ttgtttcaat gtgacttgtc gtttatttca atgaaaattt 60
   aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
   gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttcatgc cagggagttc 180
   ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctcctataaa ttggcatcta 240
20 agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

55 taaatttcca aatgttcact cgaggatcctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
   gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
   gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
   tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
60 tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cttttcaacc 300
   cttgttaaca agtgccctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
   tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taacccaaat gtaaagtctt 420
   tattaaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg 480
   ttgtaaataa catcaatgca tctgtgtggg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540
65 ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
   catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
   gcagtggcac aaaggtcact caatcctttg ttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
   ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagatga atgtggggat atagtgtata 780

```


DE 198 13 835 A 1

agacttattt	gcagtactgt	gttcttcagc	tagaggcagc	tttttaaata	atgcaagtgt	840	
atttatttagc	attaaaaatta	acatctcagt	aatcagcatt	agcatttctg	aggaccat-a	900	
ttatttctga	gaacagaaat	tggtgccttg	caaggaagt	tactagctct	atcaacaagc	960	
attcaaggtt	acatctgcta	gcagagtagt	gttaggaacc	tggccttact	ctcctctgac	1020	5
aatcgcaatt	ttttcttatt	ttttataaat	tcaagaagat	acacttggca	tcgtgtatcg	1080	
aggctaagtt	tttcatgcat	ttcccagact	acttatggag	aattgcagtt	taagttgctg	1140	
aaaagtatta	acatggtatt	aagcttaaat	aatacgtaat	gggactagat	ggcccactaa	1200	
gccactgtta	ttttccttcc	tctctggcag	ggcacttgat	ccattccaaa	gtcaaaaact	1260	10
ggactgaagc	taaatttgta	cttttcataa	tatacattct	gcttctggct	tatcttcttg	1320	
gtacatcaat	atattaattg	taaagtttat	tgtatagtat	ttaaccgctg	aagttcctat	1380	
tttatgttgt	gcttatgtga	accccttgg	gaaggccct	tttccttga	tgtgtagtta	1440	
tatgatcttt	ttaaattgtac	agatattttg	ctataaaatc	ggtgcagttt	tttatggttt	1500	
ttacacttct	ctttaattcc	cacctagcc	tctgggtaat	attgtaaata	ttgttttaaa	1560	15
atgcatcagc	ctatgctata	caatctgaat	gttattttta	cttatagttt	tttttaatat	1620	
atatatttaa	ctataaggac	agtttaggga	acaagttacc	taccacattt	cacttttagtg	1680	
tacctattta	cagaaagatt	aaactgccac	ctgcgggcac	attcccataa	atgtgtactt	1740	
tactttaaaa	agaacatgcc	acgattttgt	ctttctgtgg	actcaacatt	cacttcgatt	1800	
aaaaatagca	atttgaccac	gttggacttc	cactacaaag	cagctgtttt	ccaaagtcca	1860	20
atgctgacat	atatgtatat	taaaataatt	gcctatttat	taatctacaa	atagacaacg	1920	
ttggcatggt	cttttctgtt	tgtctattaa	tgggcctgct	tcttagcaat	attagaatgt	1980	
tttataaaaag	caattcatgt	tacttttctg	gtcttttcat	ggcatatgag	caaataataa	2040	
actatttaca	ctactagaaa	gaaaagagaa	gaa			2073	25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 850 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

ctattacaca	tgagggtttt	aatgtattta	gacctgacaa	taggggtgtc	acttagatgt	60	
gatctcagt	ttgtgggtaa	ctttgtgtgt	ctttaattcg	aaatctggaa	catagatgat	120	
gattttttcc	tttgaattaa	cttaattgtg	tctcttccct	acagatttca	gaacttatat	180	
ttccacctct	tccaatgtgg	caccttttgc	ccagaaaaaa	gccaggaatg	tatcgaggga	240	65
atggccatca	gaatcactat	cctcctctcg	ttccatttgg	ttatccaaat	caggggaagaa	300	
aaaataaacc	atatcgccca	attccagtga	catgggtacc	tcctcctgga	atgcattgtg	360	
accggaatca	ctggattaa-	cctcacatgt	tagcacctca	ctaacttcgt	ttttgattgt	420	

DE 198 13 835 A 1

gttggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
 tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaacatca aacttatttt tatagaagtt 540
 attgagaata atctttctta aaaaatatat gcacittaga tattgatata gtttgagaaa 600
 5 ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
 gtgcatcaac tctgttgat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
 ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
 gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgaggc 840
 10 atgaaaaaaa 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 25 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

45 aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
 aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactctcc atcttccccg ccgctttttg 120
 tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
 ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
 50 tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
 cttggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
 tgggtgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattatcttc 420
 caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
 taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
 55 agaatcgttg aaaaagctag ttataattca gagaaatgat ttctattatt gaaactgttc 600
 tccctagcag gccattttcc ctttttccctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
 atgaaaagaa agggagaagg ggggagaagg gaagagggtta aaaagtaagt gctcagacct 720
 atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
 60 tttgtcatct tccatatttg caggaaagta tttctgact tgcaatgcag ctatagtgtaa 840
 aattttattt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggttt 900
 cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaatgt aatctccaac 960
 atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
 gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaaacct ctctggctta tagtctcttc 1080
 65 attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
 ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa taggttctga ggcaaacgag 1200
 agcaatgact atttaaagaa aggctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
 gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320

DE 198 13 835 A 1

tcacaggcca	cggcaacaac	aacgacaaca	acaaacattt	ggaatattat	tctcaactca	1380	
cgttttaata	atacatctta	ttatttttct	agtagagaaa	ctacaaatca	gcctcttcaa	1440	
caattatata	cagtttaata	agcctcttgc	aagttacttg	ttctctcacc	tgaggatatt	1500	
ttttcctccc	caccttgccc	ctgttcctcc	cttcctcttc	tccctttgca	agaggaaata	1560	5
tttaacatat	ttgggtccaa	cttcaataat	gtaataatta	atacattaaa	agcattttaac	1620	
ttcctttcta	gaaaaatgca	caggctaagg	catagacaaa	acaaagagaa	atgctgagaa	1680	
atttgccact	ggagacaagc	aatctgaata	aatatttgcc	aaaagttctt	tttatgtcat	1740	
atagtgtcag	gatttgaagg	agctattttt	ttttaatgtt	gcaactagca	actcatcttc	1800	10
ggaagacaca	gccaggagaa	tgaagtagaa	gtgaaagggt	tataaatcca	tttgttagca	1860	
tttatcccat	atatttttaa	ttcaagaaaa	atttgtgtta	tctttagaat	tttgtattca	1920	
atactttatg	tactatgtga	ctcatgcttc	tggataaata	aagcaccaaa	tatgtatctg	1980	
taaccacaat	cacacatatt	atattaaata	tatatctata	taacagccaa	aaaaaaaaaa	2040	
agaagagaag	aaaaagaaag	gagagggggg	gggagagaag	gggggggagg	t	2091	15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgtcccaa	accaggacac	cctctctaca	gtaaatacat	gcgtggggat	gtacttgtga	60	
tgctgaagca	gacggaaaat	aattacttgg	agtgccaaaa	gggagaagac	actggcagag	120	
ttcacctgtc	tcaaatgaag	attatcactc	cacttgatga	acatcttaga	agcagaccaa	180	
acgatccaag	ccacgctcag	aagcctgttg	acagtgggtc	tcctcatgct	gtcgttcttc	240	55
atgatttccc	agcagagcaa	gttgatgatt	tgaacctcac	ttctggagaa	attggtttat	300	
cttctggaga	agatagatac	agattggtac	agagggaact	gtagaaacca	gattggcata	360	
tttcttgcca	actatgtcaa	agtgattatt	gatatcccag	aaggaggaaa	tgggaaaaga	420	
gaatgtgttt	catctcattg	tgttaaaggc	tcaagatgtg	ttgctcggtt	tgaatatatt	480	60
ggagagcaga	aggatgagtt	gagtttctca	gaggagagaa	ttattattct	taaagagtat	540	
gtgaatgagg	aatgggccag	aggagaagtt	cgaggcagaa	ctgggatttt	ccccctgaac	600	
tttgtggagc	ctgttgagga	ttatcccacc	tctggtgcaa	atgttttaag	cacaaaggta	660	
ccactgaaaa	caaaaaaaga	agattctggc	tcaaactctc	aggttaacag	tcttccggca	720	
gaatgggtgtg	aagctcttca	cagttttaca	gcagagacca	gtgatgactt	atcattcaag	780	65
aggggagacc	ggatccagat	tctggaacgt	ctggattctg	actgggtcag	gggcagactg	840	
caggacaggg	aggggatctt	cccagcagtg	tttgtgaggg	cctgcccagc	tgaggcaaaa	900	
agtatgttgg	ccatagtacc	gaaggggcag	gaaggccaaa	gccttatatg	atttccgagg	960	

DE 198 13 835 A 1

```

5 ggagaatgaa gatgaacttc ccttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaaatctgt 1020
  agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatttc ccaaaaacta 1080
  catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
10 tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatTTTTT ttaactgaaa 1200
  aagaaatata taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
  ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
  ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
  cagcatgggg aggcacacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
15 tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaagaggaca tttaatattc 1500
  tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaaat 1560
  taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
  gatagtttac tgactagttg gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgccac 1680
  caaaaataatc tttatgttac caagtgttc ccatttgtct aaggatttga agggggtcta 1740
  aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaa 1800
  ctaatccttc catatatgtg ccatacttat tttttcctc agtgataact ttatgttaac 1860
  agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt ctttgacaa ttactggacc 1920
20 caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgta 1980
  tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
  aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaataatt 2100
  taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
  attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
25 agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
  ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcatggaa atgtaaaaca 2340
  ctttcccaac aatggtcagc actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
  acattttagc ttttattgtt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
  cacactttta cgtgactaca acctggaggt ctgcaaagaa ggtaatatatt acttggctct 2520
30 tgactaaagt tatctcccca ttctatgggt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
  atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
  atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
  ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
35 ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
  ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
  ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
  gaatggaggt gg 2952

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

cataatagtt	aactctactt	actgttttaa	catacatttg	atttaacaaa	ttgttcagca	60	
taacacttct	aattaagttt	atcaagttgt	actgtattag	ataatcagca	gtgtatctgg	120	5
agtatgttta	aagagaacag	ttcgcaatac	aaaaagttac	atggagcttt	acatcttaac	180	
tttctttgtc	aattttaaag	caatgtataa	aaagtttatt	ttgctattgt	gaaaaactaa	240	
atgtaaagga	aatcacctac	tttcatgcag	gtgtataatc	ttgaaaagga	aaaatgcttc	300	
catgttgaag	ccagattttc	tgtagtataa	cttttaaata	ttatttttaa	agaaatatgt	360	10
atataaatat	ctctatatct	tttggaaatg	tactaaagtc	tctgggtctag	gaccatacct	420	
tatataaagg	tataagagac	catgacaatg	tctgaaaatg	gaatagataa	tgatgccttt	480	
tattttaaagt	ggccacata	atatacattg	agtactccat	ctctccaaat	gtatttccat	540	
aatgtgttga	aaacatgcta	acatttgtat	gatttttata	cttctgccga	atagacttag	600	
aatcagatga	attgtctgtg	tgtcttgcaa	aagagttggg	gacaacttgg	gcaggcctat	660	15
gaagtgcata	gggagtgtat	gtcttctgaa	tgggtttatt	gttcttgtaa	tctagcttaa	720	
agaaatgtta	actgggaggg	tgctgaggcc	actcactgca	ttaattttgt	gtgttttagag	780	
ttctgttgtc	aaaagaaaac	taatgaataa	attagtttgt	cattctagaa	tttaaagttc	840	
taagattagt	ataaagagta	tatagattgt	taatccccac	cagctagact	ttgaacttaa	900	20
gtcagactta	aagattttgag	aaattattttg	tgcatcttac	tagacgtgat	ttttagttct	960	
gtttgattat	atttcctaca	caaacttctt	atttaacagg	atagcctact	aaattaaatg	1020	
tttcttattt	cacttaactc	atttgattaa	actgtattct	aaaacatttg	gggtttttcc	1080	
ccctattcag	ttttaatctt	ggaatatgca	tttgtaaatt	gtgatgtcat	tgagactata	1140	
tttatatttg	acttggcaac	attaacatgt	cctaagactt	agtcagaga	agcttggcag	1200	25
tacgttcttt	gacttaagga	tgccataaaa	taatcatttt	tgaacctgtg	taataaagct	1260	
tgaaagcagg	gaaaagaatt	tccttttccc	ccttttttgt	gttgtctata	ggaattaact	1320	
tgggattgtt	ttgtgggttt	ttgtttgttt	taaatgtaaa	ttgagaatct	tttataagaa	1380	
ataaaagcat	tattgggtgc	ctttgtttgt	aaacccaaaa	gtaataaatg	aatccctata	1440	30
tttccattat	agtattttat	gtatttttat	gttctgaaaa	ttacctatgg	aacaatatgc	1500	
ttaggattac	aggaagcagt	ccttacttac	acttcttgct	tgtttttaggt	gtacttgta	1560	
attcttatgt	cctaatttta	tttaattctg	agttccctac	acagcatttt	agggaaagaa	1620	
tacaggcagg	atgacacttt	gtgttaaagt	gttattttta	tgtattacct	ggaatgaggc	1680	
agggtttttt	ctgttttcta	aaaagagtaa	ccaagatacc	tccagggtgt	cattgggttc	1740	35
cagctgctct	cctccacatt	gaatgatata	ttgttaattt	ataggcacat	ttgtggtaat	1800	
ttatatgtct	atagagtaag	tataagagat	aattcattag	taataggaat	taactgacct	1860	
cttttggtatg	ggggagagca	tcaggctggg	gtcaggtaag	tgtaaatggc	cttctgagca	1920	
tgctcttcta	ggctgactcc	cagccctgac	ttgaaacct	tagcgctaac	ttgctctgtt	1980	
ttgagaaaaa	ctttccaaac	ttttgcatga	gaaactagaa	aaaggaaatg	atgccacgta	2040	40
actggattac	agaaatgagt	taattgtctc	tgtgataaaa	aaaaaaaaatg	aaatattttc	2100	
ttattgaatt	aatatttttg	tcttgaagca	tttctagtgt	atagaatgta	tttgtctttt	2160	
ttcctggtgg	taccctctta	gcatatatct	ttgctatcct	taagatccta	aacaaatcat	2220	
ctttgtcagt	taagtatagt	tgcgcaaaaa	ttgttaaato	ctttgtcttt	attaaagaaa	2280	45
aatttgagta	acaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa			2313	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

15  ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccgaa ggccaggggg 60
    atcccgcggc ggcgccaggg aggcggagga gcaggcgggt gaggcgaggc aggaagagga 120
    gcaggacttg gatggtgaga aggggccatc atcggaaggg cctgaggagg ggggacggag 180
    aaggcttctc cttcaaatac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
    tgaccaaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
20  gtccctcctaa aggcctttcc ttttggcatc ttaaaagctt gagagataaa acggaacccc 360
    cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
    tagaccctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctgggaacac ctttggccct 480
    gccctgtgta gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
    taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta cactcaaac ttgctatcca 600
25  cacaccctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagagttcac tttcactcca 660
    gtctccctc ttttgccctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
    aaatgaggta gagctcacct gtgctcacca gctccgtcag ggtgggcagc cgacccttt 780
    ccctgggaac cccacttctc tctgtggctg gcttggttgt cgggggtgag atgccatatt 840
30  gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttatttttc 900
    atctagagga atctcgatt cagccctttc attgctaaga cactttttca ctgaggttct 960
    taccagctca gccaaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa 1020
    gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagttagaa cttcagatca 1080
35  tcagatcagt ctcaaaggg tttcttgga ttttatattt gacaatatat atactatacc 1140
    aaactcatat gcagttctta ggtttgttg ttaaaacatt tttttaaagc agtaagttaa 1200
    tagaaaatgt tttcatttaa tggaaggctg gggaatgtcc agcatcaacc cctatggcat 1260
    gcattcccag tggecttctc atctgggctt ggaaccttgg gttcagggct taggggagaa 1320
    caggccacat ggcaacagcc acacagtcac tgccttcaac acagagccac gtgtcccaa 1380
40  acagcaatag tcatgccctt gtccaggctg ggatctaatt gatacaatag gtcgttgact 1440
    ccctcctagt agagctatct aggtttgtct ggaaagtttc cgaccctggc ttataggcac 1500
    cacacctcat gtactcctca tggcttgga ctctgtatct agcctttgtt cagtccaata 1560
    aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gggagaaggg aagaaggaga 1620
45  gggcacaag gcggaatggg ggtgagcttt 1650

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc	cgccccgcgc	ctgtcagctc	cctcagcgctc	cgcccgaggc	gcggtgtatg	60
ctgagccgct	gcccgcagccg	gctgtccac	gtcctgggcc	ttagcttcct	gctgcagacc	120
cgccggcccg	ttctcctctg	ctctccacgt	ctcatgaagc	cgctggctgt	gttcgtcctc	180
ggcgggccccg	gcgcccggcaa	ggggacccag	tgcgcccgc	tcgtcgagaa	atatggctac	240
acacaccttt	ctgcaggaga	gctgcttctg	gatgaaagga	agaaccacga	ttcacagtat	300
ggtgaactta	ttgaaaagta	cattaaagaa	ggaaagattg	taccagttga	gataaccatc	360
agtttattaa	agagggaaat	ggatcagaca	atggctgcc	atgctcagaa	gaataaatc	420
ttgattgatg	ggtttccaag	aaatcaagac	aaccttcaag	gatggaacaa	gaccatggat	480
gggaaggcag	atgtatcttt	cgttctcttt	tttgactgta	ataatgagat	ttgtattgaa	540
cgatgtcttg	agaggggaaa	gagtagtggt	aggagtgatg	acaacagaga	gagcttgga	600
aagagaattc	agacctacct	tcagtcaaca	aagccaatta	ttgacttata	tgaagaaatg	660
gggaaagtca	agaaaataga	tgcttctaaa	tctgttgatg	aagtttttga	tgaagttgtg	720
cagatttttg	acaaggaagg	ctaattctaa	acctgaaagc	atccttgaaa	tcagtcttga	780
atattgcttt	gatagctgct	atcatgacc	ctttttaagg	caattctaat	ctttcataac	840
tacatctcaa	ttagtggctg	gaaagtacat	ggtaaaacaa	agtaaatctt	tttatgttct	900
tttttttggt	cacaggagta	gacagtgaat	tcagggttaa	cttcacctta	gttatgggtg	960
tcaccaaacg	aagggatca	gctaattttt	tttaaattca	aaaagaatat	ccctttttata	1020
gtttgtgctt	tctgtgagca	aaacttttta	gtacgcgtat	atatccctct	agtaatcaca	1080
acatttttagg	atttagggat	acccgcttcc	tctttttctt	gcaagtttta	aattttccaa	1140
cttaagttaa	tttgtggacc	aaattttcaaa	ggaacttttt	gtgtagtcag	ttcttgacaa	1200
atgtgttttg	taaacaaact	caaaatggat	tcttaggagc	attttagtgt	ttattaaata	1260
actgaccatt	tgctgtagaa	agatgagaaa	acttaagctt	tgttttacta	caacttgtag	1320
aaagtgtgat	gacagggcat	attctttgct	tccaagattt	gggttggggg	cactaggggt	1380
tcagagcctg	gcagaattgt	cagctttagt	ctgacataat	ctaagggtat	ggggcaaggga	1440
tcacatctaa	tgcttgtgtt	ccttatactc	tatttatatg	tgttattcat	gattcagctg	1500
atcttaacaa	aattcgtagc	agtggaaact	tgaaatgc	gtggctagat	ttatgctaaa	1560
atgattctca	gttagcattt	tagtaacact	tcaaagggtt	ttttttgttt	gttttctaga	1620
cttaataaaa	gcttaggatt	aattagaaga	agcaatctag	ttaaatttcc	catttgtatt	1680
ttattttctt	gaatactttt	ttcatagtta	tttgtttaaa	aagattttaa	aatcattgca	1740
ctttggctcag	aaaaataata	aatatatctt	ataaatgttt	gattcccttc	cttgctatctt	1800
ttattcagta	gattttttgtt	tggcatcatg	ttgaagcacc	gaaagataaa	tgatttttaa	1860
aaggctatag	agtccaaagg	aatattcttt	tacaccaatt	cttcctttta	aaatctctga	1920
ggaatttggt	ttcgccttac	ttttttttct	tctgtcacia	tgctaagtgg	tatccgaggt	1980
tcttaatatg	agattttaaa	tcttaaaatg	ttcttatttt	tcagcactta	catcatttgg	2040
tacacagggg	caaatagggc	aaataatttt	gtctttgtat	aatagatttg	atattttaaag	2100
tcactggaaa	taggacaagt	taatggatgt	ttttatattt	taatagaatc	atatttttct	2160
atgtgttatg	aaattcactt	aatgataaat	ttttcaacat	acttgccatt	agaaaacaaa	2220
gtattgctaa	gtactataac	atattggcca	ctaaaattca	tattgagatt	atcttggttt	2280
cttggaagag	ataggaatga	gttcttatct	agtgttgtag	gccagcaaat	acagaggtgg	2340
tttaatacaa	cagctctagt	atgaagcaag	agtaaagact	aaggtttcga	gagcattcct	2400
actcacataa	gtgaagaaat	ctgtcagata	ggaatctaaa	tatttatagt	gagattgtga	2460
aagcaacctt	aaagttttga	agaagactga	tgagactagg	tgctttgctt	cctttcatca	2520
ggtatctttc	tggtggcattt	gagaacagaa	accaagaaac	atggttaatta	ctaaattatg	2580
aggctttgct	ttttgtttgc	ttttaagtag	aaaaacatgt	tggaacatt	gagttttgga	2640
gttgattgag	ataatatgac	ttaaactagt	ttgtcattcc	atgtgtttaa	gatacagtca	2700
ccaagaatgt	tttgagtttt	ttgaaagacc	ccaatttaaag	ccttgcttat	ttttaaatca	2760
tttccattca	gtgatgttgg	atgtatatca	attatttagt	aaataatctc	aataaaattt	2820
gtgctgtggc	ctttgctaaa	aaaaaaaaaa	t			2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1071 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccctt 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct 120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgt 240
gatcagtgta tccagaagtt tctggataat gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccccg cgacatccct 480
cagggtctct tggctacctt ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacattttgg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttggt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attacccccg ggtggtgtgt agaaaagtat gtaaatgtgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agcttgccaa	ttctgtaact	ccttgggata	tcttgcctgag	cttaattgca	gctgccactc	60	20
atgatctgga	tcatccaggt	gttaatcaac	ctttccttat	taaaactaac	cattacttgg	120	
caactttata	caagaatacc	tcagtactgg	aaaatcacca	ctggagatct	gcagtgggct	180	
tattgagaga	atcaggctta	ttctcacatc	tgccattaga	aagcaggcaa	caaattggaga	240	
cacagatagg	tgctctgata	ctagccacag	acatcagtcg	ccagaatgag	tatctgtctt	300	25
tggttaggtc	ccatttggtg	agaggtgatt	tatgcctaga	agacaccaga	cacagacatt	360	
tggttttaca	gatggctttg	aaatgtgctg	atatttgtaa	cccatgtcgg	acgtgggaat	420	
taagcaagca	gtggagtga	aaagtaacgg	aggaattctt	ccatcaagga	gatatagaaa	480	
aaaaatatca	tttgggtgtg	agtccacttt	gcgatcgtca	cactgaatct	attgccaca	540	
tccagattgg	ttttatgact	tacctagtgg	agcctttatt	tacagaatgg	gccaggtttt	600	30
ccaatacaag	gctatcccag	acaatgcttg	gacacgtggg	gctgaataaa	gccagctgga	660	
agggactgca	gagagaacag	tcgagcagtg	aggacactga	tgctgcattt	gagttgaact	720	
cacagttatt	acctcaggaa	aatcggttat	cataaccccc	agaaccagtg	ggacaaaactg	780	
cctcctggag	gttttttagaa	atgtgaaatg	gggtctttag	gtgagagaac	ttaactcttg	840	
actgccaaag	tttccaagtg	agtgatgcca	gccagcatta	tttatttcca	agatttcctc	900	35
tggtggatca	tttgaacca	cttggttaatt	gcaagaccog	aacatacagc	aatatgaatt	960	
tggtcttcat	gtgaaacctt	gaatatgcaa	agcccagcag	gagagaatcc	gaaaggagta	1020	
acaaagggaag	ttttgatatg	tgccacgact	ttttcaaagc	atctaactctt	caaaacgtga	1080	
aacttgaatt	gttcagcaac	aatctcttgg	aatttaacca	gtctgatgca	acaatgtgta	1140	40
tcttgtacct	tccactaagt	tctctctgag	aaaatggaaa	tgtgaagtgc	ccagcctctg	1200	
ctgcctctgg	caagacaatg	tttacaatc	aactctgaaa	atattggttc	ttaattgcct	1260	
tgagcatga	ttgtgaagga	accactcaaa	caaatttaaa	gatcaaaact	tagactgcag	1320	
ctctttcccc	ctggtttgcc	tttttcttct	tttgatgcca	ccaaagcctc	ccatttgcta	1380	
tagttttatt	tcattgcactg	gaaactgagc	atttatcgta	gagtaccgcc	aagctttcac	1440	45
tccagtgcgg	tttggaatg	caattttttt	tagcaattag	tttttaattt	ggggtgggag	1500	
gggaagaaca	ccaatgtcct	agctgtatta	tgattctgca	gtgaagacat	tgcatgttgt	1560	
tttactact	gtacacttga	cctgcacatg	cgagaaaaag	gtggaatgtt	taaaacacca	1620	
taatcagctc	agggtatttg	ccaatctgaa	ataaaagtgg	gatgggagag	tgtgtccttc	1680	50
agatcaaggg	tactaaagtc	cctttcgctg	cagtgagtga	gaggtatgtt	gtgtgtgaat	1740	
gtacggatgt	gtgtttgcgt	gcatgtttgt	gcatgtgtga	ctgtgcatgt	tatgtttctc	1800	
catgtgggca	aagatttgaa	atgtaagctt	ttatttatta	ttttagaatg	tgacataatg	1860	
agcagccaca	ctcgggggag	gggaagggtg	gtaggtaagc	tgtaacagat	tgctccagtt	1920	
gccttaaact	atgcacatag	ctaagtgacc	aaacttcttg	ttttgatttg	aaaaaagtgc	1980	55
attgttttct	tgtccctccc	tttgatgaaa	cgttaccctt	tgacgggctt	tttgatgtga	2040	
acagatgttt	tctaggacaa	actataagga	ctaattttta	acttcaaaca	ttccactttt	2100	
gtaatttggt	ttaaattggt	ttatgtatag	taagcacaac	tgtaatctag	ttttaagaga	2160	
aaccggtgct	ttcttttagt	tcatttgtat	ttcccttggt	actgtaaaag	actgtttatt	2220	
aattgtttac	agtttgttgc	aacagccatt	tcttggggag	aaagcttgag	tgtaaaagcca	2280	60
tttgtaaaag	gctttgccat	actcatttta	atatgtgcct	gttgctgtta	acttttgatg	2340	
aataaaaaacc	tatcttttca	taaaaaaaaa	aaaaa			2375	

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct    60
cagctgctat gccgtggaaa tcctgtttac tttctgcac tgctcctgca agactctgga    120
gccagtccttg aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca    180
atgatttagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttcctgta aaattcatgt    240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gctttagtaa accactttaa tcatatccag    300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg    360
tgaccggaac tgtgggctca tcgctggggc tgtcattggg gctgtcctgg ctgtgtttgg    420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt    480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggttaaa acaggcacag aagtttacag    540
acagtttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaaat    600
tcaagtttag caaagaggtc cttatacgta cagagttcgt tttctagcca aggaaaatgt    660
aaccaggac gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaatgggt ccatcttcca    720
accttcaacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc    780
agctgcaccc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaagt atcctcaatt cacttattaa    840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggtatag    900
ggatccattt ttgagtttg ttccgtaccc tgttactacc acagtgggtc tgttttatcc    960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa   1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaaatctg tcctattggg aaagtcactg   1080
cgatcatgatt aatggtacag atgcagcctc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt   1140
attgcagttc ttttctcttg atatttgcag gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt   1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc   1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac   1320
atcatatggg gtgctagaca tcagcaaatg caaagaaggg agacctgtgt acatttcact   1380
tcctcatttt ctgtatgcaa gtctgatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaa   1440
tgaagaagaa cataggacat acttgatat tgaacctata actggattca ctttacaatt   1500
tgcaaaacgg ctgcaggta acctattggg caagccatca gaaaaaattc agtgagtctc   1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga   1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctggatatca acttatcttt agcttaatgt   1680
caccaatcag tattaatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt   1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaa   1800
taattaattt ttggaattca tat                                     1823

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaactcct	gttttccgaa	gatcagcaag	gcggttctct	ggaacagctg	ctgcagaggt	60	
tctcatcaca	gtttgtgagc	aaaggcgact	tgcagacgat	gctgcgagac	ctgcagctgc	120	
agatcctgcg	gaacgtcacc	caccacgttt	ccgtgaccaa	gcagctccca	acctcagaag	180	
ccgtggtgtc	tgctgtgagc	gaggcggggg	cgtctggaat	aacagaggcg	caagcacgtg	240	
ccatcgtgaa	cagcgcttgg	aagctgtatt	cccaagataa	gaccgggatg	gtggactttg	300	
ctctggaatc	tgggtggtgg	agcatcttga	gtactcgctg	ttctgaaact	tacgaaacca	360	40
aaacggcgct	gatgagtcgt	tttgggatcc	cgtctgtgta	cttctcgcat	tccccgcgcg	420	
tggtcatcca	gcctgacatt	taccccggtg	actgctgggc	atttaaaggc	tcccaggggt	480	
acctggtggt	gaggctctcc	atgatgatcc	accagccgcg	cttcaactct	gagcacatcc	540	
ctaagacgct	gtcgccaaca	ggcaacatca	gcagcgcccc	caaggacttc	gccgtctatg	600	
gattagaaaa	tgagtatcag	gaagaaggcg	agcttctggg	acagttcacg	tatgatcagg	660	45
atggggagtc	gtccagatg	ttccaggccc	tgaaaagacc	cgacgacaca	gctttccaaa	720	
tagtggaact	tcggattttt	tctaactggg	gccatcctga	gtatacctgt	ctgtatcggg	780	
tcagagttca	tggcgaacct	gtcaagtga	gacactactc	attatttttg	tacatttttg	840	
tatatactgg	gacagcgtga	aacactggaa	tccttcatgg	acgagggcat	atacaatgat	900	50
gggacagtgc	cacactcctt	caataaacgt	ggctgctggc	cagaggacgt	gagcgtgtga	960	
cgggcgcctt	ggcgccacct	gttgggtgct	cactgcctct	gcaggtgcag	aggggtcagc	1020	
agcaggagaa	gcgtgttgaa	cacgtggctc	tcagacactc	cttgttttta	acgggaagct	1080	
ctttgcattt	gcatttcctc	aacaaaggag	caaagcagag	gaagctgaga	gtctggcgtg	1140	
ttcttgacgc	tttggctctc	agccttgcac	tggctcttct	aaaggacttt	tggagggcag	1200	55
ataatttcat	ctgttaaata	caacacacat	ttctttcagg	gaaaaacaat	gtcaccacaa	1260	
tttcagagtt	ctaaactcct	ttccttcaag	ccggaatttt	ccttttttca	gcaccagtag	1320	
gtactaagtc	tccagatggg	gaaataacta	aatgtgtttt	ttctgctttg	ttcgctctta	1380	
cttctgagga	aggtttccag	tcaggactcg	ctgtaccaat	atccatggag	gaatatggga	1440	60
gcgtttcgct	ctcctttag	gctgaagtca	gtctgacttg	aaggggcctg	gtttggtatc	1500	
aagcaaacac	ccagatgggg	ttctctggtc	tcagcaaggc	ttttctgtgt	gggagtcaca	1560	
gtaaacagaa	acccaaaaat	ctcatcttgg	gtgttttcag	ggcttggttt	gagttttgct	1620	
gaatagggag	cgcaagacgc	cctgagcctc	cctctcactg	gtggtgataa	gaggagccgt	1680	
ctggtgtgtc	aggggtcacg	accggttaca	tttcaggacg	atcctttttc	cttcagcagc	1740	65
atttcttact	ggctgtggct	ggaatctgcc	ttttatcaca	gctgtcacca	ttctcacgtg	1800	
attcttgtga	gactcttttt	ggttataaatt	actatttaatt	atttagacta	ttttactgag	1860	

```

cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattatttta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa 2040
5 atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttctact ctccttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcatatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga 2220
atattaattt attttttaaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctgc caccaaattg ataagatgct 2340
10 attaagaggt ttaataaaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa 2403

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataacctt cagcttgggt ctatggcttg 60
50 tgacccccag attcatggag gggctttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagcttg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaatatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac ttaggaagt cagtgaagg tgcattgttg attgatagat attgattggt 360
55 ttcagtcctc tggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactatct 420
caagtcaaca aactgaaaa ctgcttttct cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgtg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt ttaaatctc atatctggag tacaagggta 600
60 gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcattcag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgtc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgggtatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcatc acaataagct 900
65 atgagggtta ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggtcgggtt tcatttccat cttccacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaatgcct tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttta 1140

```

```

aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaa aaaaaa 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2939 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

gtccatctct tgggatacag ccttggagcc catgctgctg gcattgcagg aagtctgacc 60
aataagaaag ttcaacagaa ttactggcct cgatccagct ggacctaaact ttgagtatgc 120
agaagccccc agtcgtcttt ctccctgatga tgcagatttt gtagacgtct tacacacatt 180
caccagaggg tcccctggtc gaagcatttg aatccagaaa ccagttgggc atgttgacat 240
ttaccggaat ggaggtactt ttcagccagg atgtaacatt ggagaagcta tccgcgtgat 300
tgcagagaga ggacttggag atgtggacca gctagtgaag tgctccacg agcgtccat 360
tcatctcttc atcgactctc tgttgaatga agaaaatcca agtaaggcct acaggtgcag 420
ttccaaggaa gcctttgaga aagggtctct cttgagttgt agaaagaacc gctgcaacaa 480
tctgggctat gagatcaata aagtcagagc caaaagaagc agcaaatgt acctgaagac 540
tcgttctcag atgccctaca aagtcctcca ttaccaagta aagattcatt tttctgggac 600
tgagagtga acccatacca atcaggcctt tgagatttct ctgtatggca ccgtggccga 660
gagtgagaac atcccattca ctctgcctga agtttccaca aataagacct actccttct 720
aatttacaca gaggtagata ttggagaact actcatgttg aagctcaa atggaagagtga 780
ttcatacttt agctggtcag actggtggag cagtcccggc ttcgccattc agaagatcag 840
agtaaaagca ggagagactc agaaaaggt gatcttctgt tctagggaga aagtgtctca 900
tttgagaaa ggaaaggcac ctgcggtatt tgtgaaatgc catgacaagt ctctgaataa 960
gaagtcaggc tgaaactggg cgaatctaca gaacaaagaa cggcatgtga attctgtgaa 1020
gaatgaagtg gaggaagtaa cttttacaaa acatacccag tgtttggggt gtttcaaaag 1080
tggattttcc tgaatattaa tcccagccct acccttggtt gttatttttag gagacagctc 1140
caagcactaa aaagtggcta attcaattta tggggtatag tggccaaata gcacatctc 1200
caacgttaaa agacagtgga tcatgaaaag tgctgttttg tcctttgaga aagaataaat 1260
tgtttgagcg cagagtaaaa taaggctcct tcatgtggcg tattgggcca tagcctataa 1320
ttggttagaa cctcctattt taattggaat tctggactct tcggactgag gccttctcaa 1380
actttactct aagtcctcaa gaatacagaa atgcttttcc cgggcacga atcagactca 1440
tctacacagc agtatgaatg atgttttaga atgattccct cttgctattg gaatgtggtc 1500
cagacgtcaa ccaggaacat gtaacttggg gagggacgaa gaaagggctc gataaacaca 1560
gaggttttaa acagtcctta ccattggcct gcatcatgac aaagttacaa attcaaggag 1620
atataaaatc tagatcaatt aattcttaat aggccttatc gtttattgct taatccctct 1680

```

```

ctcccccttc ttttttgcct caagattata ttataataat gttctctggg taggtgttga 1740
aatgagcct gtaatcctca gctgacacat aatttgaatg gtgcagaaaa aaaaaaagaa 1800
accgtaattt tattattaga ttctccaaat gattttcac aatttaaaat cattcaatat 1860
5 ctgacagtta ctcttcagtt ttaggcttac cttggtcacg cttcagttgt acttccagtg 1920
cgtctctttt gttcctggct ttgacatgaa aagatagggt tgagttcaaa ttttgcatg 1980
tgtgagcttc tacagatttt agacaaggac cgtttttact aagtaaaagg gtggagaggt 2040
tcctgggggtg gattcctaag cagtgcctgt aaaccatcgc gtgcaatgag ccagatggag 2100
10 taccatgagg gttgctatct gttgttttta acaactaatc aagagtgagt gaacaactat 2160
ttataaacta gatctcctat ttttcagaat gctcttctac gtataaatat gaaatgataa 2220
agatgtcaaa tatctcagag gctatagctg ggaacccgac tgtgaaagta tgtgatctct 2280
gaacacatac tagaaagctc tgcatgtgtg ttgtccttca gcataattcg gaagggaata 2340
cagtcgatca agggatgtat tggaacatgt cggagtagaa attgttcctg atgtgccaga 2400
15 acttcgacct tttctctgag agagatgatc gtgcctataa atagtaggac caatgttgtg 2460
attaacatca tcaggcttgg aatgaattct ctctaaaaat aaaatgatgt atgatttgtt 2520
gttggcatcc cctttattaa ttcattaaat ttctggattt gggttgtgac ccagggtgca 2580
ttaacttaaa agattcacta aagcagcaca tagcactggg aactctggct ccgaaaaact 2640
20 ttgttatata tatcaaggat gttctggctt tacattttat ttattagctg taaatacatg 2700
tgtggatgtg taaatggagc ttgtacatat tggaaggctc attgtggcta tctgcattta 2760
taaagtgtgt gtgctaactg atgtgtctt tatcagtgat ggtctcacag agccaactca 2820
ctcttatgaa atgggcttta acaaaacaag aaagaaacgt acttaactgt gtgaagaaat 2880
ggaatcagct ttaataaaaa ttgacaacat ttattacca caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2939
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 50 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

60 ggggtcgcgg gccctgattg cgccgtttcc ccgcgcagag ctgcgcggcg ccccgacggg 60
ccccggagca ggggccccg gccggccccg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttccgcc cggctccctga gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttcctagg tcggagggac tttgtctacc ctctcctaac ccgagaccct agtgccctta 240
acggaggggg cagcccagcc agggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggtcctaagt 300
65 ttgacttcca ggcgcagtcc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tccacaagga ggtggacaag aactggctgg agggagagca ccacggccgc ctgggcattct 420
tcccrgctaa ttatgtggag gtgctgcccc cagatgagat ccctaagccc atcaagcccc 480

```

```

cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tgagggtgga gctgtccttc cgcaagggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgagggacgc atcacgggca cggggcgcca aggcatttc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtccc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgtga cccagcgccc ccctcagccc 780
tgcgcagccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctccccccgt cgcactggct 840
tctccttccc caccagggag cctagacccc agacccagaa tcttggcacc cctggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc ccctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat aacttgagcc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tctctcccgg aggaccagaa aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtgggtctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggagggagag gacccccgcc cacatcctcc tccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt ccctcggacc cccctcgaag cccctgggac 1320
tgattccca cccagactca caggcattcc tcccacagcc ctttcatttc ctccccacc 1380
cactcccaa atacagaggt ctgctttgaa gcggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc ccccacgggg ttctctaac cagaaccagc ttcctagcct cgtagagacc 1560
aaagggcgcc cccgcctgct ggggttctc ccagcaccac agcttgctgg ctgccctctt 1620
tgcttctggt cctccagctg ggtgtggggg gcgggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccca ggccctcctt tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat caccgccac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg ccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatcccct ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaag 1920
aaaaaaatag attggggggg aggaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggagag ccgggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctggggcct gggaagggtc gccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttctg catgatgctg gggagcttgg cgcctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgcca cgaagggtacc caaccctctg 240

```

5 ggatagatgc aggaagcgt ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
 gcttaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
 ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
 tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
 actcaggttt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggttaacaa 540
 ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
 agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcatt ttcccaggct ggcgagagaat aaactgccag 660
 10 ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag cttaatcttc cctcttaatg 720
 aataaaggtt ttgctctgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
 ttatggtaat ctggaattgt attttgaat atta 814

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 3216 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

50 ttgggcaact ggtggaggga gcctcgggtg gctgtgggag cgggggggga cagtgcctcg 60
 ggaacccggt gggtcacaca cagcactgag gcctgtcagt agtgacatt gtaatccagt 120
 cggttgttgc ttgcagcatt ccgctccct tccctccata gccacgctcc aaacccagg 180
 gtagccatgg ccgggtaaaag caagggccat ttagattagg aagggtttta agatccgcaa 240
 tgtggagcag cagccactgc acaggaggag gtgacaaacc attccaaca gcaacacagc 300
 cactaaaaca caaaaagggg gattgggcgg aaagttagag ccagcagcaa aaactacatt 360
 55 ttgcaacttg ttggtgtgga tctattggct gatctatgcc tttcaactag aaaattctaa 420
 tgattggcaa gtcacgttgt ttccaggccc agagtagttt cttctgtct gctttaaagt 480
 gaaacagact cataccacac ttacaattaa ggtcaagccc agaaagtgat aagtgcaggg 540
 aggaaaagtg caagtccatt atgtaatagt gacagcaaaag ggaccagggg agaggcattg 600
 ccttctctgc ccacagctct tccgtgtgat tgtctttgaa tctgaatcag ccagtctcag 660
 atgccccaaa gtttcggttc ctatgagccc ggggcatgat ctgatccca agacatgtgg 720
 60 aggggcagcc tgtgcctgcc tttgtgtcag aaaaaggaaa ccacagttag cctgagagag 780
 acggcgattt tcgggctgag aaggcagtag ttttcaaac acatagttaa aaaagaaaca 840
 aatgaaaaaa attttagaac agtccagcaa attgctagtc aggtgaatt gtgaaattgg 900
 gtgaagagct taggattcta atctcatgtt ttttctttt cacattttta aaagaacaat 960
 65 gacaacacc cacttatttt tcaaggtttt aaaacagtc tcatgtagca tttgaaaggt 1020
 gtgctagaac aaggtctcct gatccgtccg aggtgcttc ccagaggagc agctctcccc 1080
 aggcatttgc caaggagggc ggatttccct ggtagtgtag ctgtgtggct ttccttctcg 1140
 aagagtccgt ggttgcccta gaacctaaac cccctagca aaactcacag agctttccgt 1200

ttttttcttt	cctgtaaaga	aacatttcct	ttgaacttga	ttgcctatgg	atcaaagaaa	1260	
ttcagaacag	cctgccgtgc	ccccgcact	ttttacatat	atttggttca	tttctgcaga	1320	
tggaaagtgg	acatgggtgg	ggtgtcccca	tccagcgaga	gagtttcaaa	agcaaaacat	1380	
ctctgcagtt	tttcccaagt	acctgagat	acttcccaaa	gcccttatgt	ttaatcagcg	1440	5
atgtatataa	gccagttcac	ttagacaact	ttacccttct	tgtccaatgt	acaggaagta	1500	
gttctaaaaa	aaatgcatat	taatttcttc	ccccaaagcc	ggattcttaa	ttctctgcaa	1560	
cactttgagg	acatttatga	ttgtccctct	gggccaatgc	ttatacccag	tgaggatgct	1620	
gcagtgaagg	tgtaaagtgg	ccccctgcgg	ccctagcctg	acccggagga	aaggatggta	1680	10
gattctgtta	actcttgaag	actccagtat	gaaaatcage	atgccgcctc	agttacctac	1740	
cggagagtta	tcctgataaa	ttaacctctc	acagttagtg	atcctgtcct	tttaacacct	1800	
tttttggggg	gttctctctg	acctttcatc	gtaaagtgtc	ggggacctta	agtgatttgc	1860	
ctgtaatttt	ggatgattaa	aaaatgtgta	tatatattag	ctaattagaa	atattctact	1920	
tctctgttgt	caaactgaaa	ttcagagcaa	gttctgtagt	gcgtggatct	gggtcttagt	1980	15
tctggttgat	tactcaaga	gttcagtgtc	catacgtatc	tgtcattttt	gacaaagtgc	2040	
ctcatgcaac	cgggccctct	ctctgcggca	gagtccttag	tggaggggtt	tacctggaac	2100	
attagtagtt	accacagaat	acggaagagc	aggtgactgt	gctgtgcagc	tctctaaatg	2160	
ggaattctca	ggtaggaagc	aacagcttca	gaaagagctc	aaaataaatt	ggaaatgtga	2220	
atcgcagctg	tgggttttac	caccgtctgt	ctcagagtcc	caggaccttg	agtgctatta	2280	20
gttactttat	tgaaggtttt	agacccatag	cagctttgtc	tctgtcacat	cagcaatttc	2340	
agaacaaaaa	gggaggctct	ctgtaggcac	agagctgcac	tatcacgagc	ctttgttttt	2400	
ctccacaaag	tatctaacia	aaccaatgtg	cagactgatt	ggcctggtea	ttggtctccg	2460	
agagaggagg	tttgctgttg	atttcctaatt	tatcgctagg	gccaagggtg	gatttgtaaa	2520	25
gctttacaat	aatcattctg	gatagagtcc	tgggagggtc	ttggcagaac	tcagttaaat	2580	
ctttgaagaa	tatttgtagt	tatcttagaa	gatagcatgg	gaggtgagga	ttccaaaaac	2640	
attttatatt	taaaatatcc	tggttaacac	ttggctcttg	gtacctgtgg	gttagcatca	2700	
agttctcccc	agggtagaat	tcaatcagag	ctccagtttg	catttggtatg	tgtaaattac	2760	
agtaaatccca	tttcccaaac	ctaaaatctg	tttttctcat	cagactctga	gtaactgggt	2820	30
gctgtgtcat	aacttcatag	atgcaggagg	ctcaggtgat	ctgtttgagg	agagcaccct	2880	
aggcagcctg	caggaataaa	catactggcc	gttctgacct	gttgccagca	gatacacagg	2940	
acatggatga	aattcccgtt	tcctctagtt	tcttctctga	gtactcctct	tttagatcct	3000	
aagtctctta	caaaagcttt	gaatactgtg	aaaatgtttt	acattccatt	tcatttgtgt	3060	35
tgttttttta	actgcatttt	accagatgtt	ttgatgttat	cgcttatgtt	aatagtaatt	3120	
ccgtacgtg	ttcattttat	ttcatgtctt	tttcagccat	gtatcaatat	tcacttgact	3180	
aaaatcactc	aattaatcaa	taaaaaaaaa	aaaaaa			3216	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

5  tgggcacgcc cgcccgtac cccggcccgc tgctgcgcgc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
   agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
   tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgaacg ccccgggctc ccgtaccacg 180
   tggcaactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgctcctgcc agaggagagc agcctgatct 240
   ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcgggtct attacagcgc gtgcatctcc ggctaggccg 300
10  ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgcagc ccccgcgacc gatccgaccg 360
   cgctcgtgcc gctctgtctt ctcatacgcg tgatatgttg gttccatgtc acagccccct 420
   aggagccagt gatgctcggc cttgcgcccc ttccacctcc caggccaccc ttcttgggct 480
   tctgggccac ctgccctcgg ggggccccctg cgagggtgcc tggagtcccc acgtgtcccc 540
   gggcttttcc aggaagcccc agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
15  tgaagcacct gctccttttc ttgcagtgtg ttttctacaa ccagattgta ttaattttt 660
   ttacttttgc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
   taaacttttc ttccaagaga aaggagac
                                     747

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2419 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

55  cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgctgggtga agccgcgggg cccggccagg 60
   gatcgctcga tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
   gccgagtggg gcagggcagt tctgctttaa tcagcccctg catgagcggg tgctaaggcc 180
   ggggtgtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggctgcgct 240
   ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtggaga 300
60  ccccgggctg agtgctgtgg ctttctgggt gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
   gggatcgtag cgttgggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgtccc 420
   tccccacggg acctggttcc cagggtgaaa tgaaaggagg ggagaagttg agaacagaac 480
   attccataaa ggataatttc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
   ctttctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattg tggcaggtag gctttggagc 600
65  aggcgcgag acatttctga gcattaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
   ctgcgggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct cccagtgtgg aaggcccttt 720

```

tccctgagga	gtgggcatte	tggggcagcc	ggcgctggct	tcgtgectcc	acgtggggcca	780	
gccccagctg	ctccgtgttt	cctggcgctg	gcaatttact	gtgctgctga	gtgtgaggtc	840	
atctccggag	cgttttcagc	agccccctgc	tctgcggcgt	ctcttccggg	ctgtgggcat	900	
gcaggggaagt	ggctgtgagg	cagtctgcgc	tgtggccctg	cctctgcccc	gcgagaggcc	960	5
gtgggctctg	gacaagccgc	ccttcaggct	ggggtagcag	gtcagtccag	gcaggaagca	1020	
gcacctgccc	cccgcgccag	cccagcccca	gcctgagtgc	aggagctgca	ggaccccgcg	1080	
gggcttttcc	agctactctg	ttccttcacg	tcctcccctc	tcagcctcgt	ccaagcaccg	1140	
ggaagacctc	caggctgacc	ccttgagcag	cagtcaaac	aggtgcgtgg	gggcgtgagg	1200	10
gaggcagggt	cttcaccaca	ggcgccctcc	tctgtccttc	ctgtcttttc	ttctctgccc	1260	
aggccgctgc	agctgcacag	cctctgttac	acctgggctg	cctgggaggc	ttcctgggtg	1320	
ggtgtctgga	ccccacggcc	ttgggtcatc	ctgtggctgg	tctggggtgg	ggtctgttgt	1380	
ggtccttcca	cggtgtcagt	ggcctgaagt	ccctcgcttt	tggggggggg	gtctctcacc	1440	
cccaggccac	atagggccag	tggtagggtg	tcctctatg	tcgggcagtg	ctgagggtcg	1500	15
ggatgctctg	tgacccacgc	tgagaccac	acctaaaggc	tgcatccac	atcatttcac	1560	
cctgcagtga	gggaagaggc	caccagggtg	cagcacagcc	acacccgctc	ccacgtcaga	1620	
ggagggcaag	gctgggtact	cagcagccac	tctgagccgg	ggctccttcc	aggagctgaa	1680	
atccacctgt	ctccatcttc	cttgctgccc	tgggtactca	tgccaagcag	agactgggat	1740	
taggggttct	gtgctcttgc	ctaattagga	acattctccc	atgtctcttg	tgtggtccca	1800	20
gaaggagaag	tgagtttgcc	aaggatatgg	ggcaggaggc	tcctctgct	gacccctgct	1860	
agcctggagc	cagcccgggg	actgtcctgg	gtggaggcca	ggtgaacaca	agctgctgcc	1920	
ggggactgtc	ctgggtggac	ggcaggtgaa	cacaagcggc	tggcgatgt	agccactcac	1980	
tcgaactttt	ttcagctgtg	accattcctg	ggagctcttt	gagcctttct	gtctcatttg	2040	25
gaaccagggg	gaaccaggaa	ggggctcctg	gcctctctgt	gtcctctgca	gtgggggttg	2100	
tggggggcgc	agatccacgc	cttgctgccc	ttctttcatg	aagtctgttt	tttaagtgt	2160	
ggttcccccg	aatattttat	gcagaggagg	gaaaatttat	agtggcaatt	attttctcac	2220	
agtctggtga	gcaggcaatt	aattaggagt	aagggggcct	agtagagcgt	ggcgtgtggc	2280	
agaatcgcac	cgccccggct	cccagcccca	ccgcatgca	gggctgcgt	gcgggaaaac	2340	30
taatatgccg	gcgtttaagc	ctgtgcccct	ctgctgggtg	taactgcgct	gaaataaatg	2400	
atctgacaat	gtgaaaaaa					2419	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV	T	GKLQVARNLI	M	RGTEMC	P	KS	EDVWLEAARL	Q	PGDTAKAVV	A	QAVRHL	P	Q	S	60
VRIYIRAAEL	E	TDIRAKKRV	L	RKALEHVPN	S	VRWLKAAVE	L	EEPEDARIM	L	SRAVECCPT	120				
SVELWLALAR	L	ETYENARKV	L	NKARENIPT	D	RHIWITAAX	L	EEANGNTQM	V	EKIIDRAIT	180				
SLRANGVEIN	R	EQWIQDAEE	C	DRAGSVATC	Q	AVMRAVIGI	G	IEEDRKHT	W	MEDADSCVA	240				
HNALECARAI	Y	AYALQVFPS	K	KSVWLRAAY	F	EKNHGTRES	L	EALLQRAVA	H	CPKAEVLWL	300				
MGAKSKWLAG	D	VPAARSILA	L	AFQANPNSE	E	IWLAAVKLE	S	ENDEYERAR	R	LLAKARTVP	360				65
PPPGCS															366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- 5 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

25 MRTSKFILFI FSDVGNGGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60
VS 62

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

55 RPRLYKAXRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- 60 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80	10
KTPSLQSKTK NKNWSCAMLY CFAQN	25
	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :	
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	40
DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV	29
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:	45
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	50
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	55
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	60
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82	65
PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS	32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP 54

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF 54

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 60 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLP QDFIGCLNVK ATFYDTYSL YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

FIANSLISHA SMLANSLTNV LGWGPEGREH HESTACEAGL LRGRHANGG TDFRTSLDGL 60
SCLGQEGAGS GQELVLLWP THPRFPAPP HSGSCAVREV WGGSRLYSCQ ACGHYQLSVR 120
PPVSPSLGKA SKDLGFHCSI FRQVGIRDEA LPLGGCPSSV ASRSCCR 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

5 NRGGVGFVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP L 60
PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

10

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

40

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

60 LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNHLQ THDPNKMAFG CEZCGKKYNT MLGYKRHLAL 60
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR 120
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF 180
QLKAAALPPF PLGASAQNG LASSLPAEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG 240
65 SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPFGDLA 300
KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP 360
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25

KRCQRKQPLR GIGILKQAID KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
 CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL 120
 VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD 180
 NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA 240
 SINQKDGMYV FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG 300
 SQEDDSGNKP SSYS 314

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

35

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

55

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

65

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

20 MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFYSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTC WVEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRYP 120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTFSAVER 180
DRQWKFMCR MTEYDCEFAN V 201

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

30

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

55 MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAIEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQA 120
DSEEDKKFLT GYDGIHAEL VVIDDEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK 180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEESLG SPVHHSFPA QTTGDGTEDP SLTALMRMA 240
KLGGKVI 247

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

GFHPTFVRLV SNSLTFVIPP RLGLPKVPGI TRHEPITPWS TFF

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMs GGICPVSrdT IDYLLSKNGS GNaiIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRNRK 60
 GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF 120
 SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP 180
 ETEVLEVN 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(A) LÄNGE: 290 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

5 RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
 HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
 LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE 180
 GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVVKQ 240
 RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290
 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 15 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYL SLEFPGFVL CLANDLGYHF 60
 SSRVRS 66
 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- 45 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

65 VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS ITALYPRSLIQ TNTQNTKS

59

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

30

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

50

MGNKEPGSHG HRSADPSRF SPVLPPAVQL GVVREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPGK 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

15

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

45

MNRGPPTFTW FEDRGAKRDR SARGPHAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV 120
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

5

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSRRSR RQGWWTKGV RLKSGSETRF DTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL 120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHNTTGPT IPLLASLRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR 180
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

15

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

35

SEARNAPSGT AQTFFAMGEMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT 120
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

65

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGPV 60
VLLPAQ 66

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 10 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

30

PTSLIWPTTM FCSVHVLFS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 40 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

60

LLPSFFLHFS LSIYFPHPTF LEQPLVLQEM ALMORRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

65

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ 120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNVDEGFGH RPHKDLWASK 180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL 240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVOLDLKKL RRSSSLKERS 300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV 360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLE MENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS 420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 109 :

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

SLLLPKGIFT LFAWYSPHSS SEQALDYKGM AHKRLMDGGY LALANSPSIP NSLSLFEEKC 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

WATPNHYCFL KVFSPSSPGT ALTALQSKHW TTRAWLTKG

39

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:111:

20

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

RYFHPLRLVQ PSQLFRASGT LQGHGSQKVN GWGLPSPG

38

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

50

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCPLGR HSCLVQAKPL 60

CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

5

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
 EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTTGPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN 120
 AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ 180
 LDQCFRLIEK AQQAPEGQPR LDQSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL 240
 VSSLQGLPAE LQQPVGRRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL 300
 LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

40

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

60

IAMTPPNATE ASKPQGTTCV PPCDNEKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
 PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK 120
 WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESEFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

15

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

35

PGGCEGENVL LATVKPQEGA RIAQGPMGER RL

32

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ 120
KGQKWQPPSE QGTRH 135

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:120:

- 5 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

25 GGECSTFGHCE ASGRGSDCSR THGREEALTG LPACEVSGLE VQRSPADKDG IRHEVP 56

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

55 PSLPQVPLQA CVSAYLCGDP AAVGAQPPQG PQGPALPRKH GGSKREEGHH GLQS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- 60 (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

EACHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFM RPHSEPLAFPA RPPGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII 120
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT 180
EHVQOTFRTE IKI 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

MPHLYIDGVF PIQLVRDKLH ETPAVLRLLG PPGKATGWGW WGWSFSLPQA CVLGAAPMQT 60
GSPNRDGSQG MDGALGPRGW TPASCHLPLR AVSSPSIPLF NL 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

5 MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60
 REILC 65

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 40 (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

60 ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGD 60
 SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASAFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
 IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
 IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
 65 PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYL SLEFP SGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

30

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIIYYS TNVTFLEFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVV QIYSFLKLLK 60
K 61

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60
15 LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENFW 120
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP 180
PSHWMGSTVE NSNQRELMA VHLKTLLKVQ T 211

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
25 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

45

MQTVTICIRT TDDISYMFGS SSI?ANTSYL KVFFLL

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

50

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGV L PSQQTPLI

48

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

30

LGIFLHQYVI FNQNVKELLN SLPAIVIVPS WPTWFDPVVN NINASAVGPL LRCLRRNEVL 60
AISINEVFY L QFGRRKVT 78

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSKGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60
KIPNQIKSYC FD 72

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

65

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

MCSLPYRFQN LYFHLFQCGT LCPEKSQECI EGMAIRITIL LLFHLVIQIR EEKINHIAQF 60
Q 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:135:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNHYP PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136	10
MHSRRYPCH WNWAIWFIFSLIWITKWNRRIVILMAIP SIHSWLFSGQ RVPHWKRWKY 60	
KF 62	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137	40
MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60	
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFO 83	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138:	
(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	50
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	55
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	60
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138	65

5 RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
 DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF 120
 PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV 180
 NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE 240
 WCEALHSFTA ETSDDLSEFR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS 300
 MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI 360
 QFLQIS 366

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- 15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

35 MNPYISIIIV IVFLCSENYW WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LENSEFLTQH 60
 FRERIQAG 68

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 45 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	10
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141	20
EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY	22
	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:	
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren	30
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	35
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	40
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	45
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142	
MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG	46
	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	55
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	60
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	65
(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

35

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACLTG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

65

MPKGKAFRRT LRITSLFFSS LLLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60
MAPSHHPSA PLPASPPPPA PPPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPELPQPR 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

25

RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLOT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60
 GPGAGKGTQ CARIVEKGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI 120
 SLLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNOD NLQGWNTMD GKADVSEVLF FDCNNEICIE 180
 RCLERGKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV 240
 QIFDKEG 247

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

35

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

55

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
 SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLO KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE 120
 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP 180
 T 181

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

65

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW 120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL 180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKSR S KINKTFLTNS CTIFSEVLPV DEKSGLRQAS YF 52 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren 15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT: 30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 35

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFQAA SPKELTLQKG DIVYIHKEVD 120
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPAD EIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS 180 40
FRKGEHICLI RKNENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT 240
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR 300
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWFGVGS 360
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren 50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

5 WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPISEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKQ 58

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 40 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

60 GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 65 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRHSGQAA LRPRRYETLW DRCRKRWLRP IFTQLLAHV LTRSSPFV 60
SRFLQHANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 GTPGPYPGGL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTFE DQYLNCSTRR PDAPGLPYHV 60
ALAKLGPRAM SCPESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

40 GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR 120
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWG G AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

45

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLRSVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60
SSTCPPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren 5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 25

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60
 AEKKSSEWLH AAAACVHLPS TQDSRQQLV FTCPPPRTPV GLAPGCRGSA EGASCPISLA 120
 NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTNPNSLC LA 152

30

Patentansprüche 35

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 38, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist. 40
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind. 45
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist. 50
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist. 55
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert. 60
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 65
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Ge-

nen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

5 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

10 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15 22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 67-70, 71, 73-81, 84-89, 93-109, 111-114, 116-137, 139-149, 153-164, 166-172, 181-182, 188-193 und 196-216.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

20 26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 67 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 68 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

25 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35 35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

40 37. Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

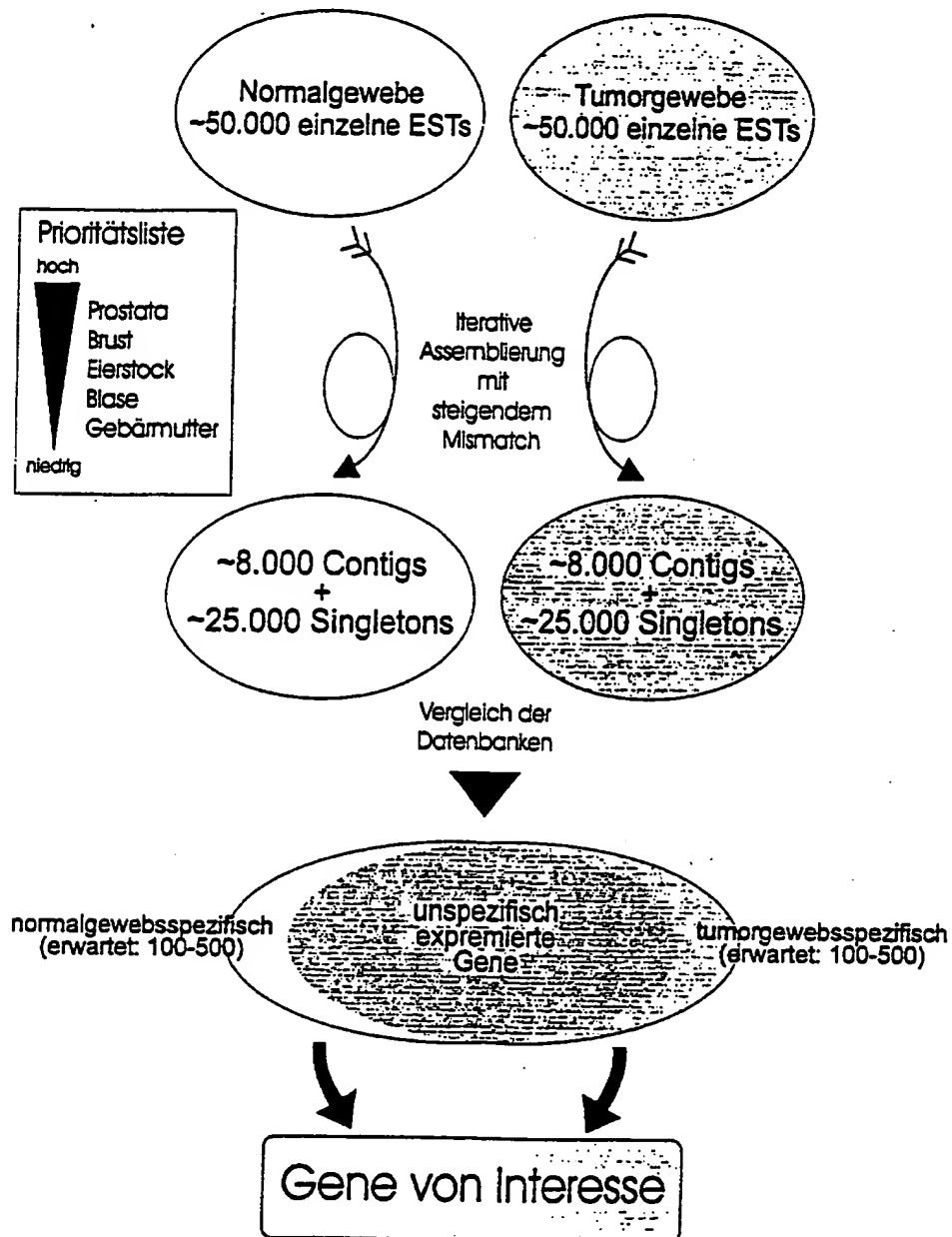


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

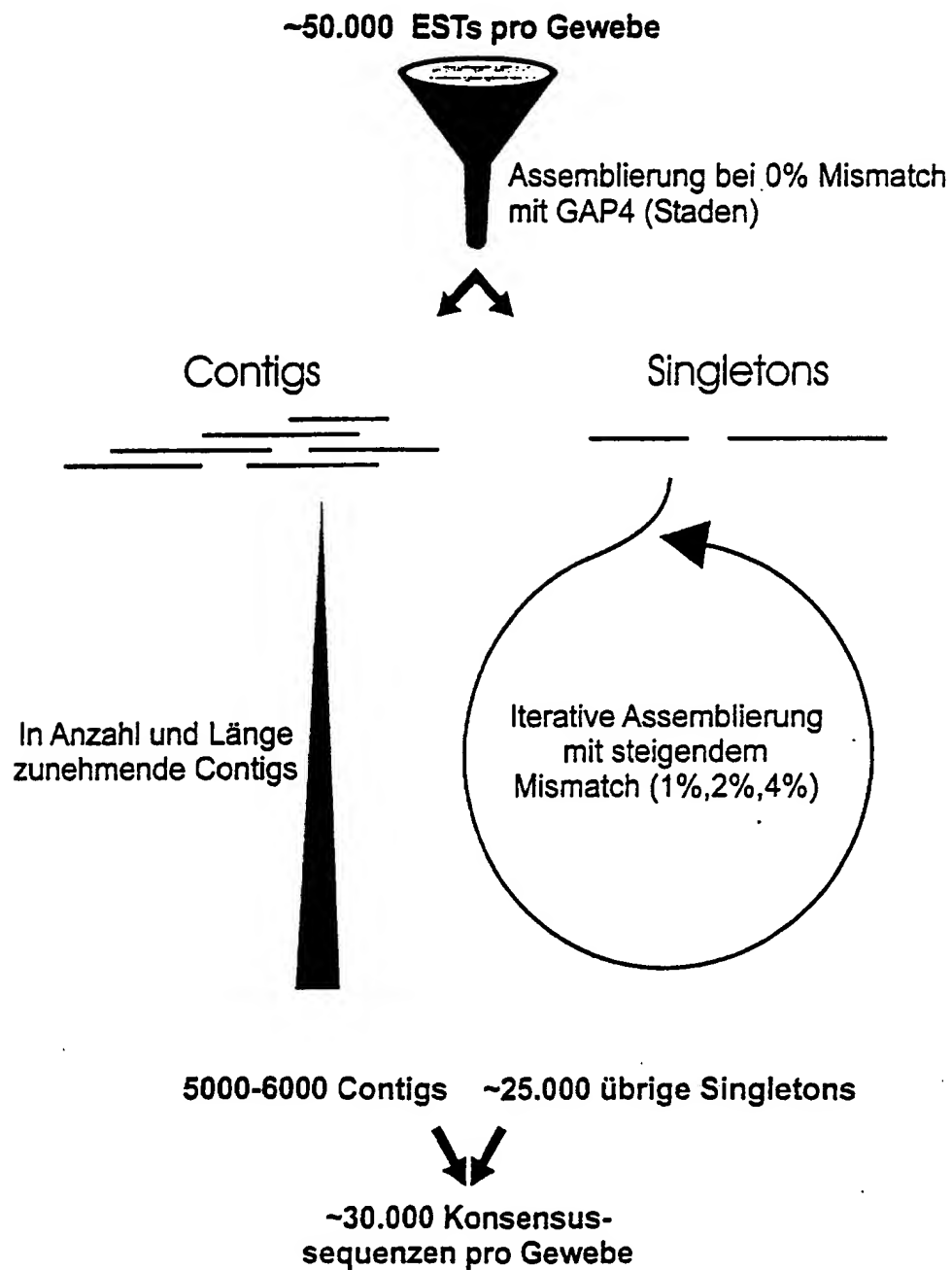


Fig. 2a

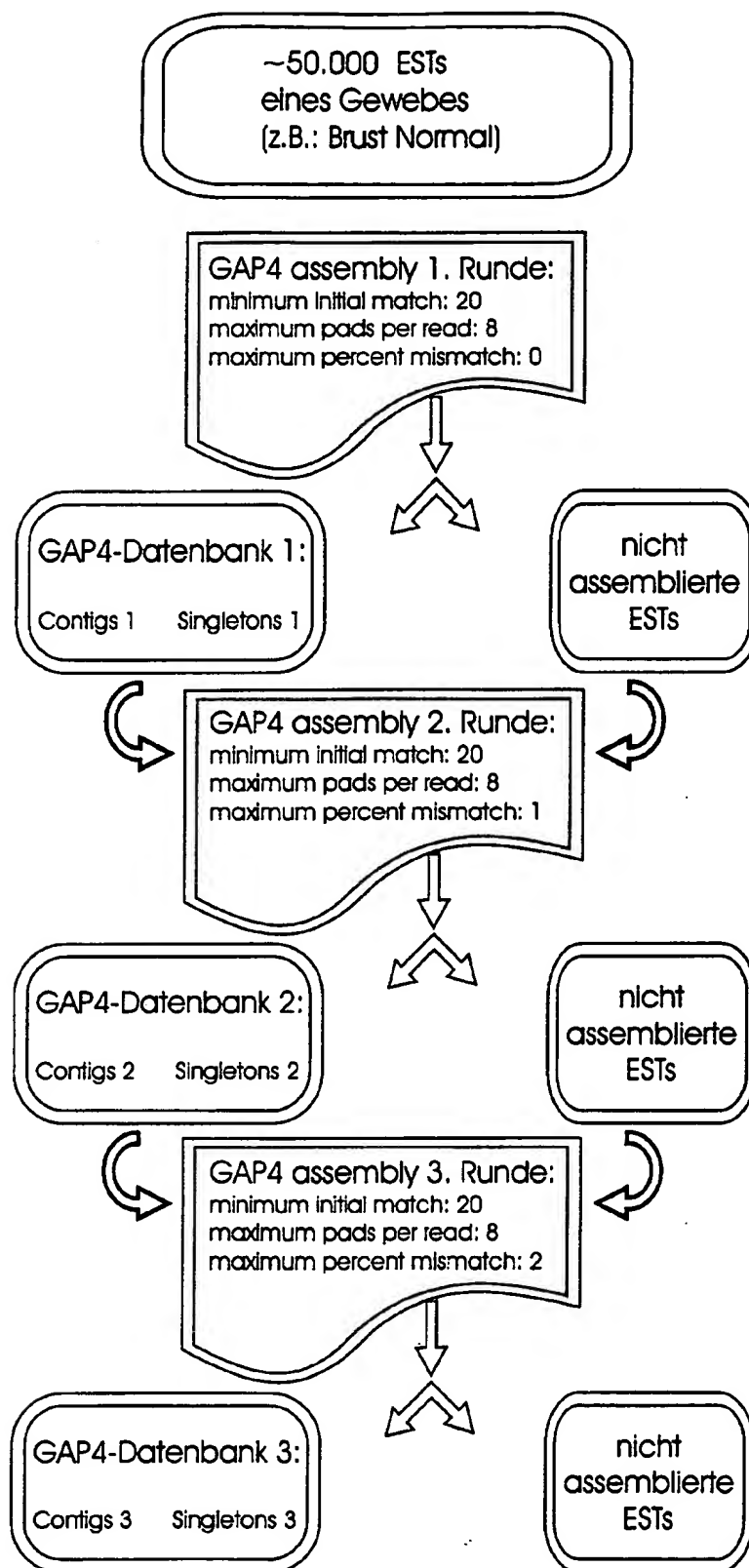


Fig. 2b1

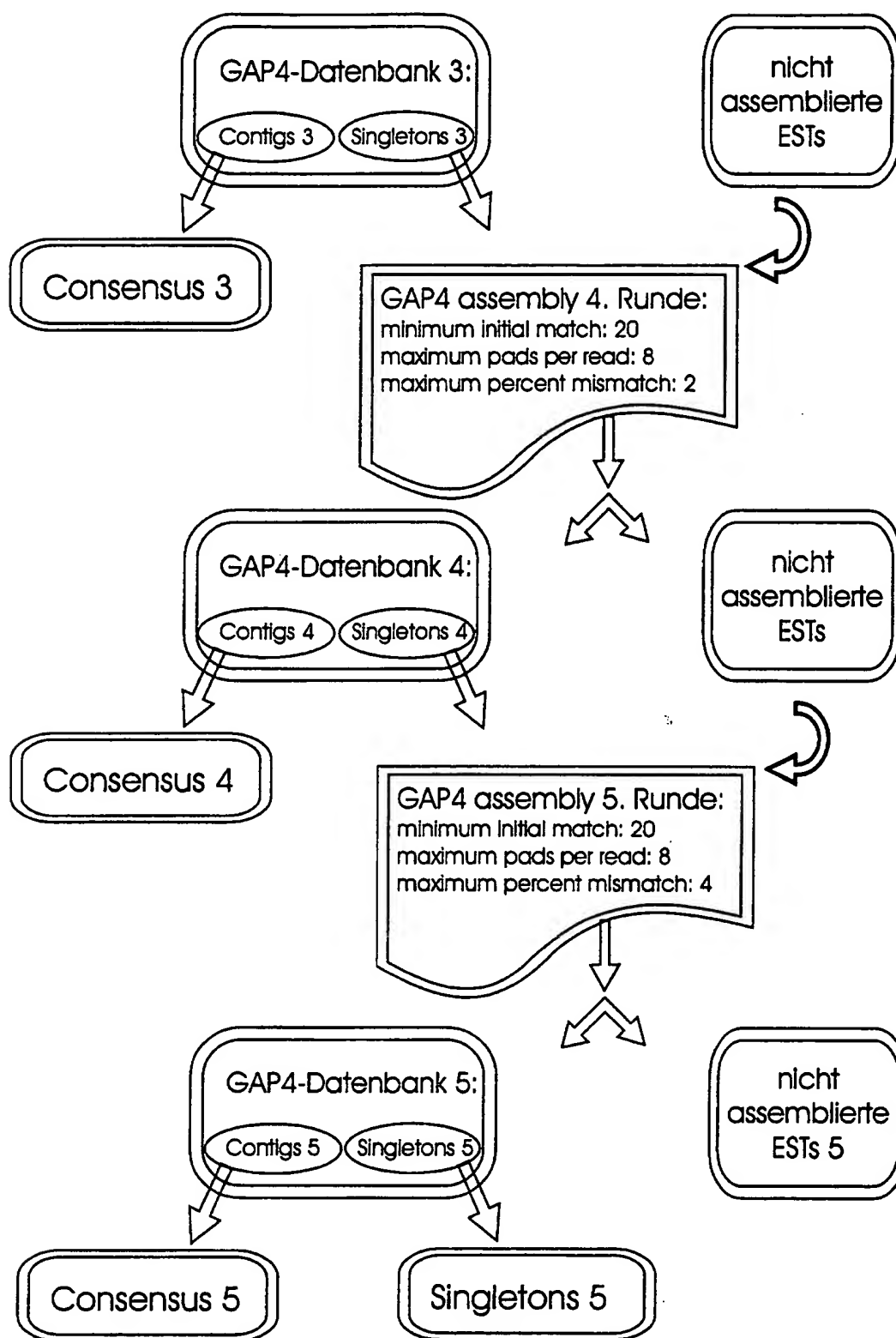


Fig. 2b2

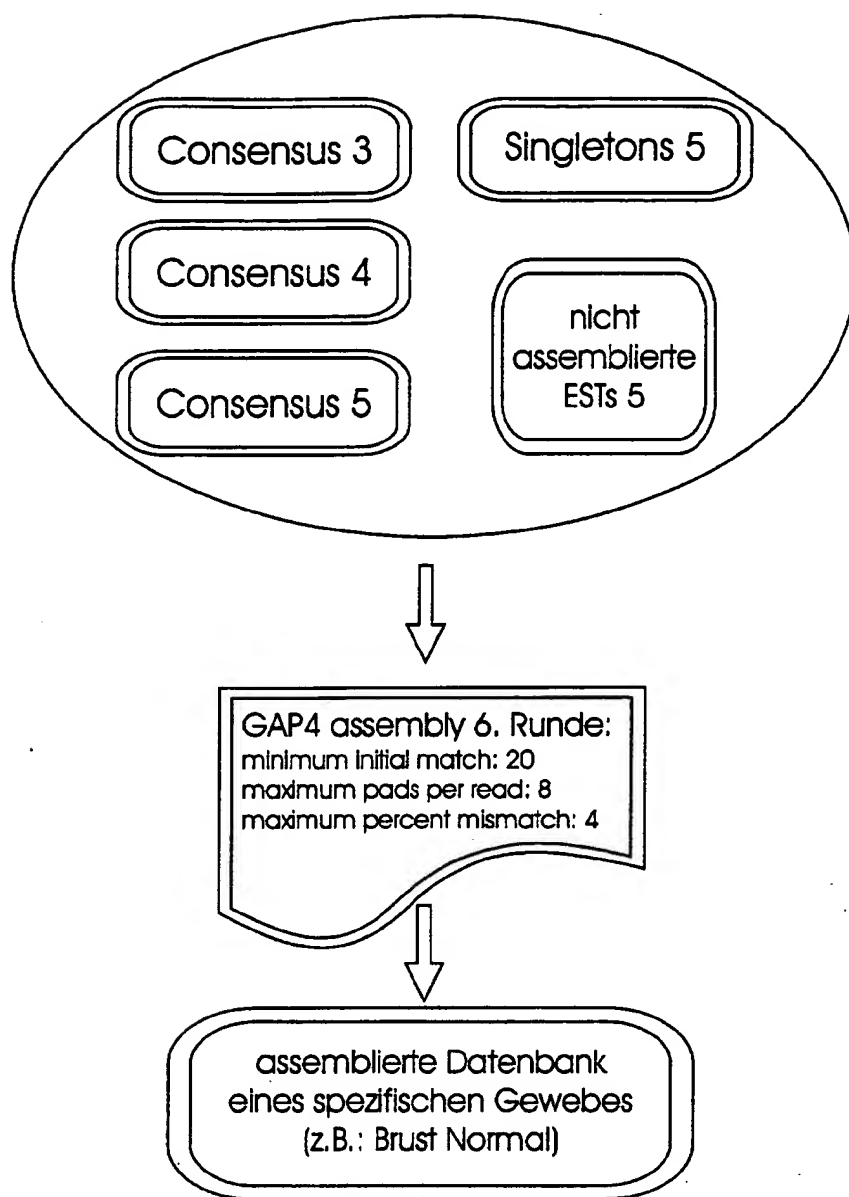


Fig. 2b3

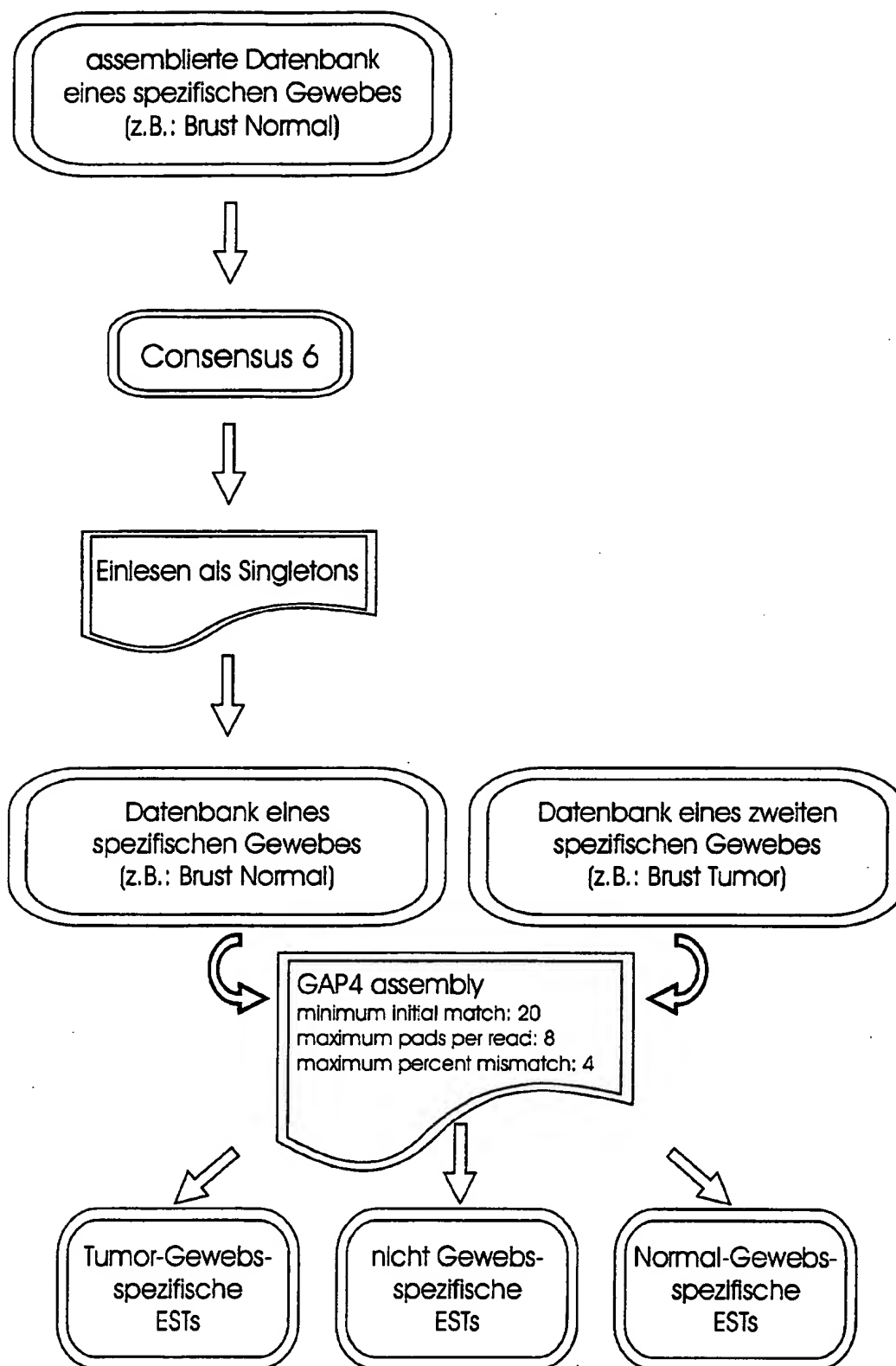


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

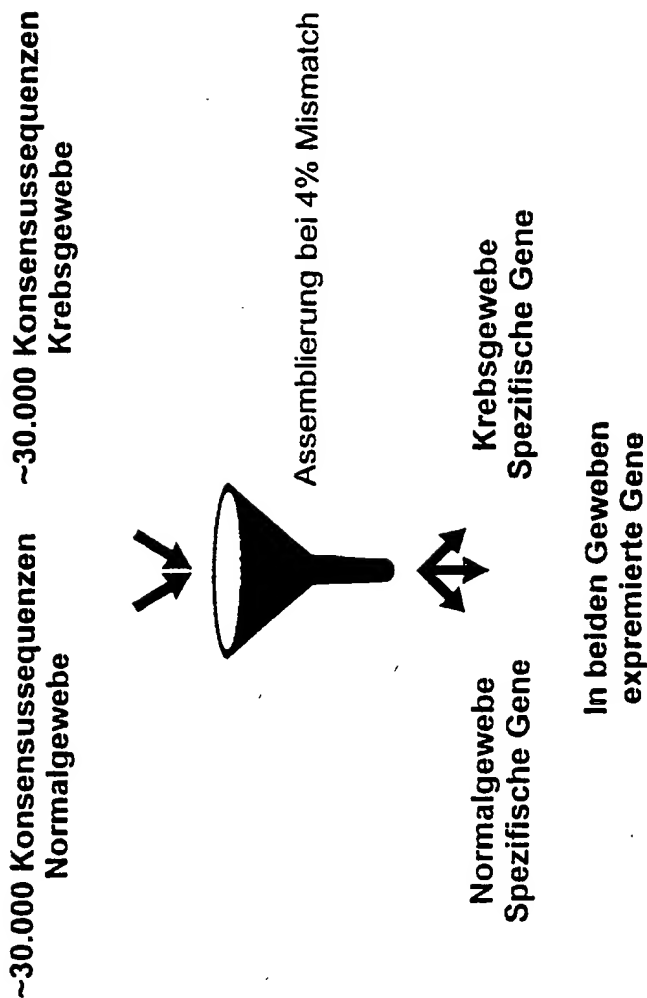


Fig. 3

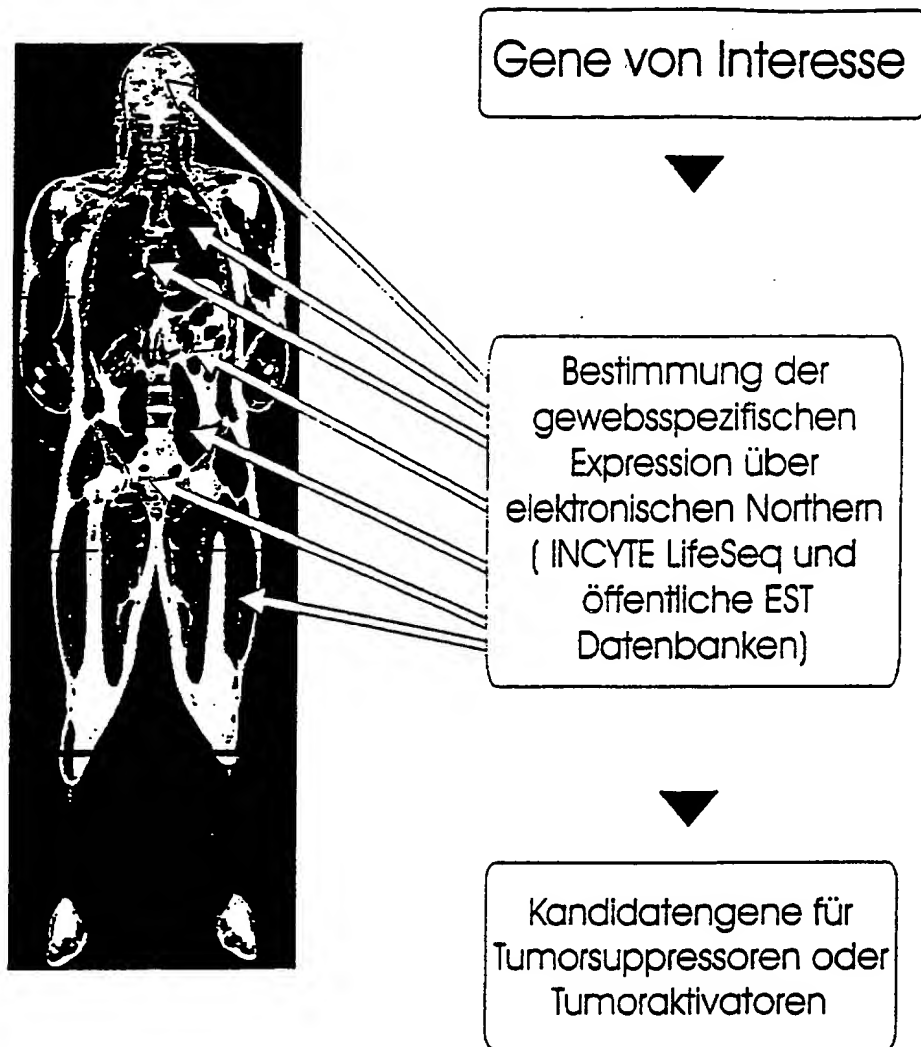


Fig. 4a

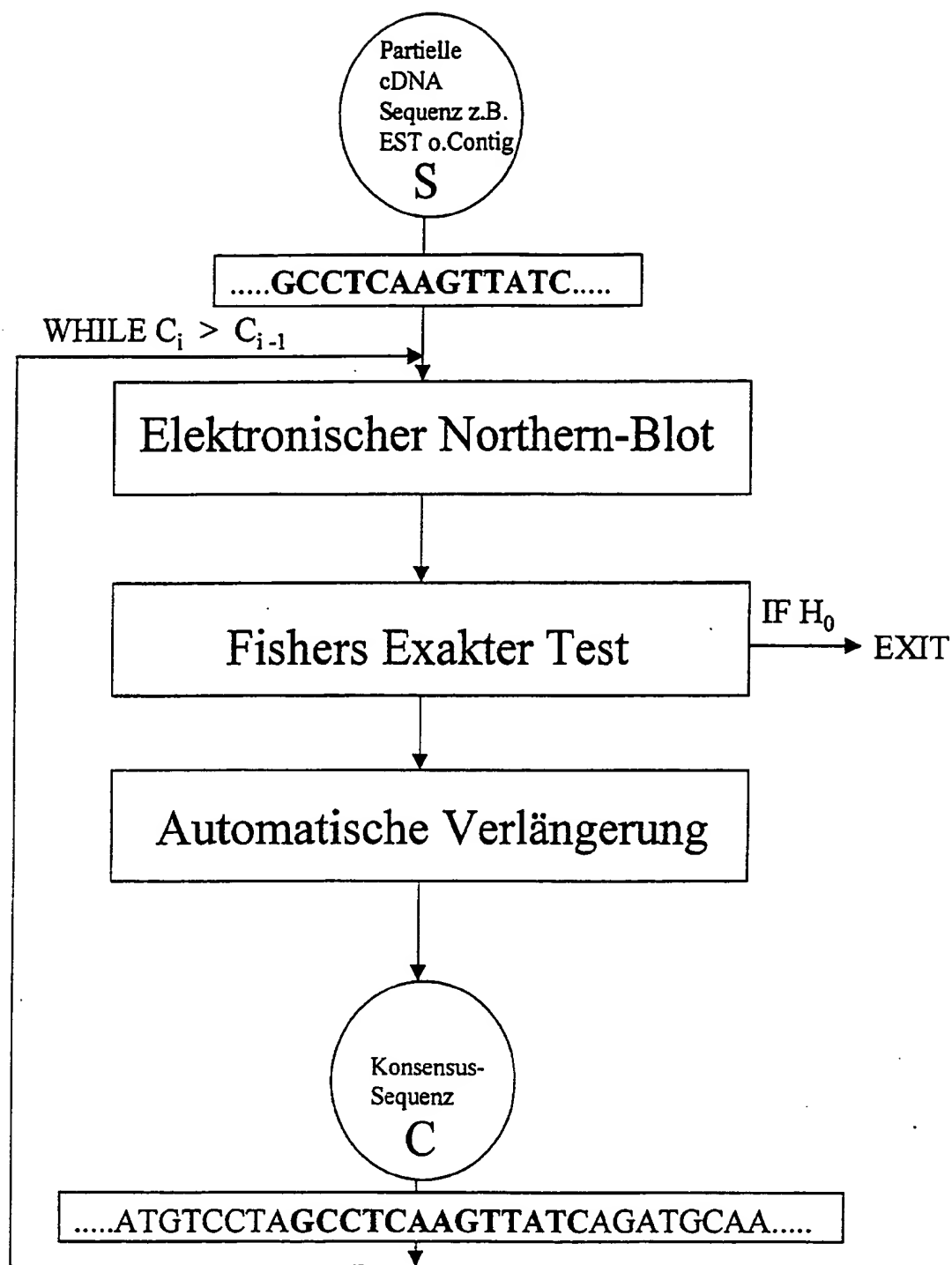


Fig. 4b

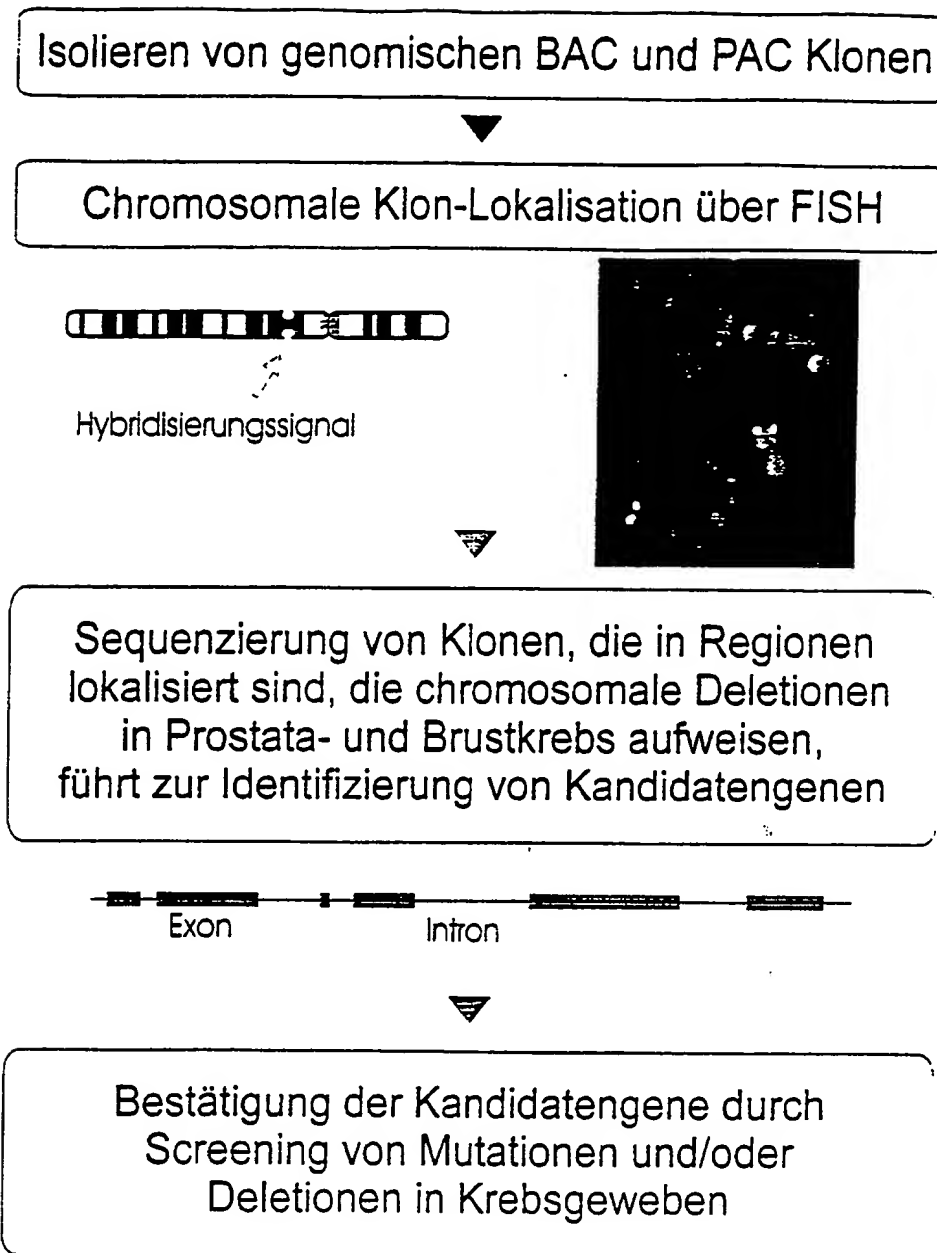


Fig. 5



PCT WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00909 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 13 835.0 20. März 1998 (20.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID FRAGMENTS WITH HEIGHTENED EXPRESSION IN NORMAL BREAST TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE- ERHÖHT IST (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		